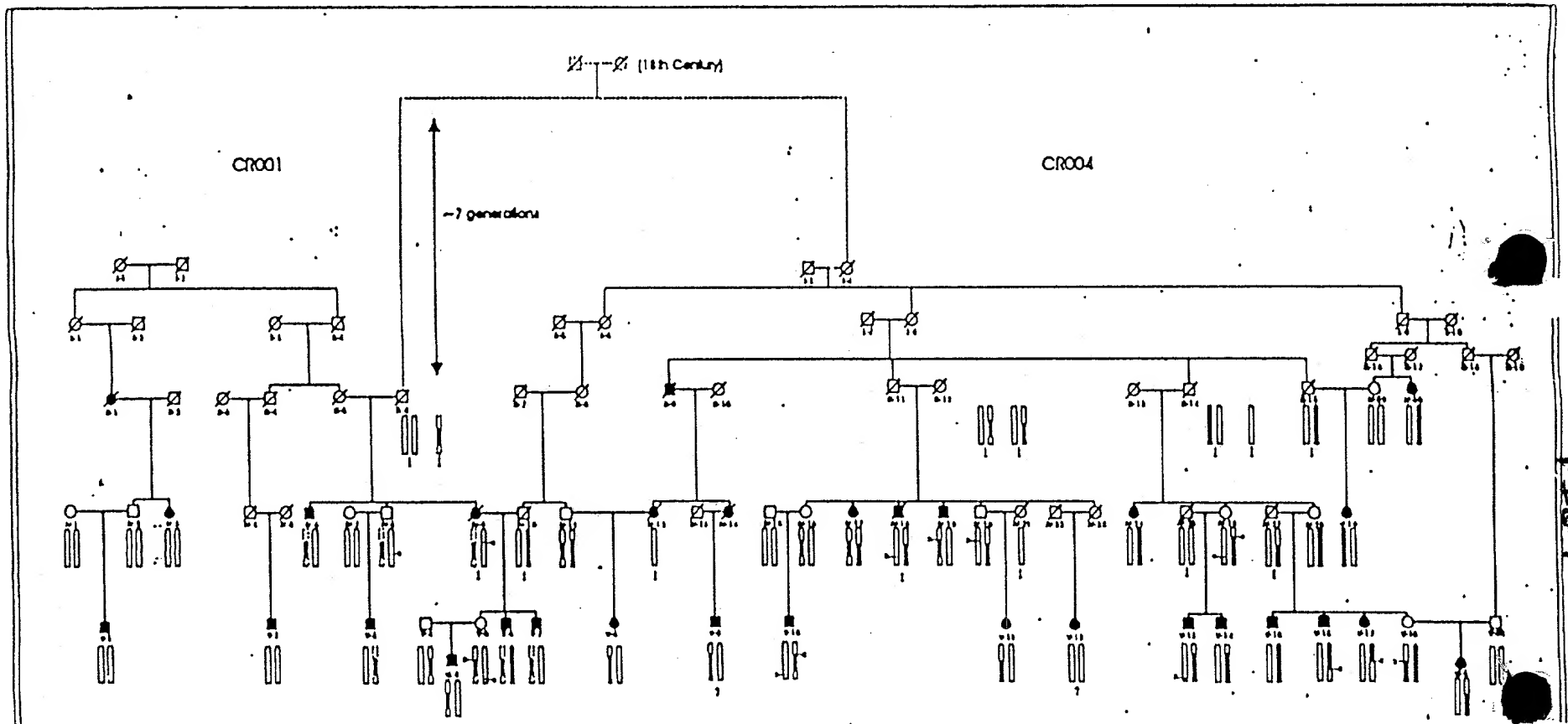


FIG 1

Figure 2

Table 1. Lod scores for markers exceeding the arbitrary coverage thresholds.

		Family CR001		Family CR004		Combined	
Marker Name	distance from pter	Z_{max} ≥ 0.8	Theta	Z_{max} ≥ 1.2	Theta	Z_{max} ≥ 1.6	Theta
D1S456	224.6	1.32	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
D2S130	230.1	0.89	0.0	0.12	0.35	0.36	0.26
D3S1285	91.0	0.00	0.50	2.59	0.00	1.15	0.16
D4S171	207.9	1.07	0.07	0.01	0.05	0.22	0.29
D5S427	69.6	1.39	0.0	0.0	0.50	0.7	0.18
D7S510	60.5	0.04	0.40	2.04	0.0	0.82	0.17
D11S929	36.3	0.80	0.11	0.03	0.42	0.43	0.24
D11S1392	38.6	0.86	0.07	0.90	0.23	1.58	0.19
D11S1312	42.0	0.47	0.13	1.77	0.0	1.95	0.05
D13S175	7.4	0.83	0.0	0.0	0.50	0.24	0.15
D15S126	45.5	1.09	0.0	0.0	0.48	0.06	0.40
D16S521	4.6	1.46	0.0	0.41	0.26	1.18	0.17
D16S515	94.8	0.93	0.09	0.01	0.46	0.39	0.25
D16S486	133.6	0.27	0.19	1.29	0.20	1.60	0.20
D17S849	0.60	0.0	0.50	1.22	0.07	0.32	0.14
D18S59	1.1	1.43	0.0	0.0	0.50	0.02	0.46
D18S1105	2.8	0.97	0.0	0.01	0.47	0.01	0.46
D18S71	43.8	0.96	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
D18S64	84.0	0.33	0.11	1.34	0.15	1.67	0.13
D18S55	95.5	0.0	0.50	2.09	0.13	1.51	0.18
D18S61	103.8	0.0	0.50	2.26	0.12	1.94	0.16
D18S488	105.6	0.0	0.50	1.26	0.14	1.02	0.19
D18S1161	113.0	0.0	0.50	1.79	0.16	1.76	0.17

Markers for which lod scores exceeded the arbitrary thresholds used for genome coverage calculations (in bold). Z_{max} is the maximum likelihood estimate of the lod score at the corresponding value of the recombination fraction (theta).

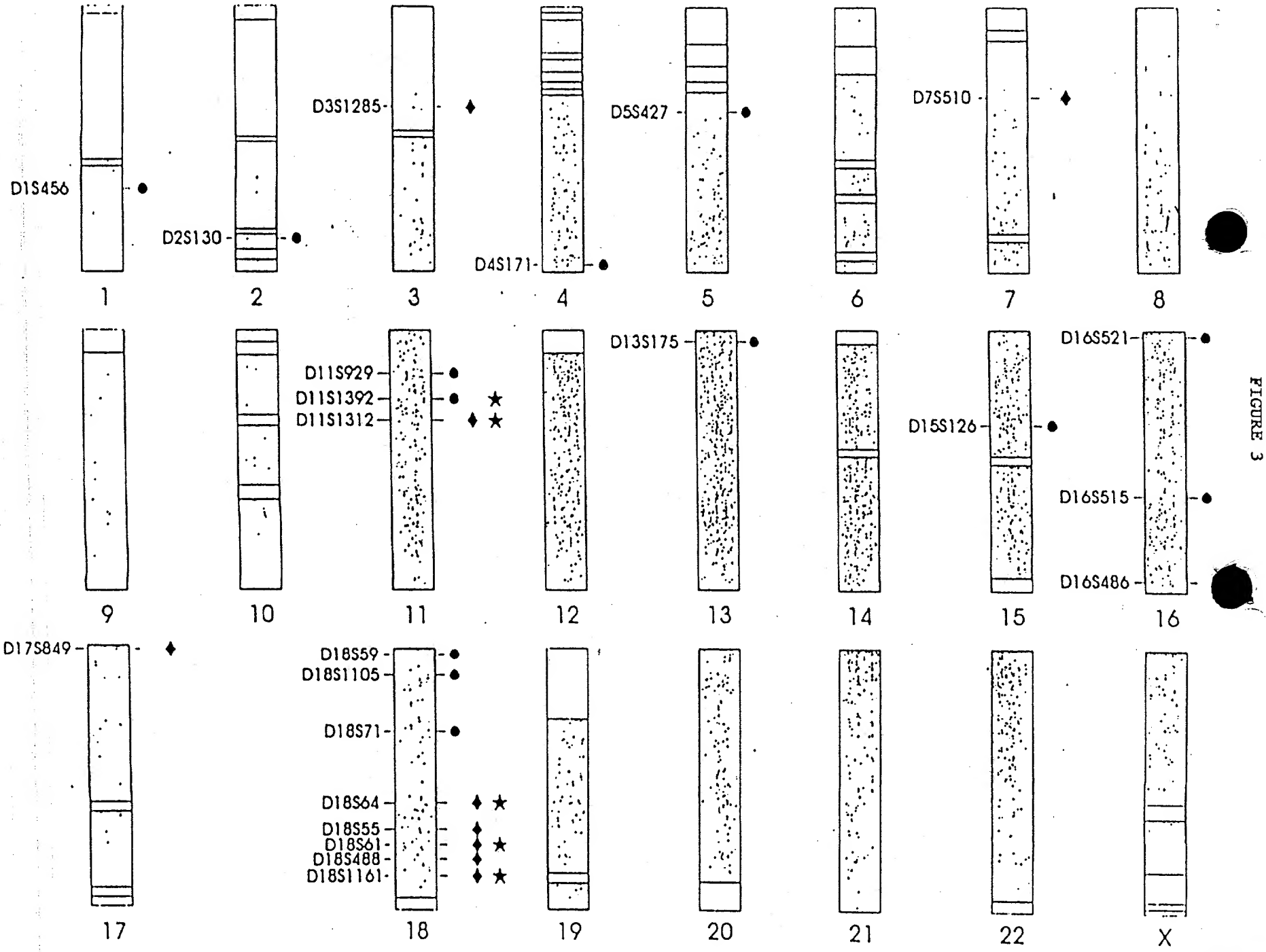


FIGURE 3

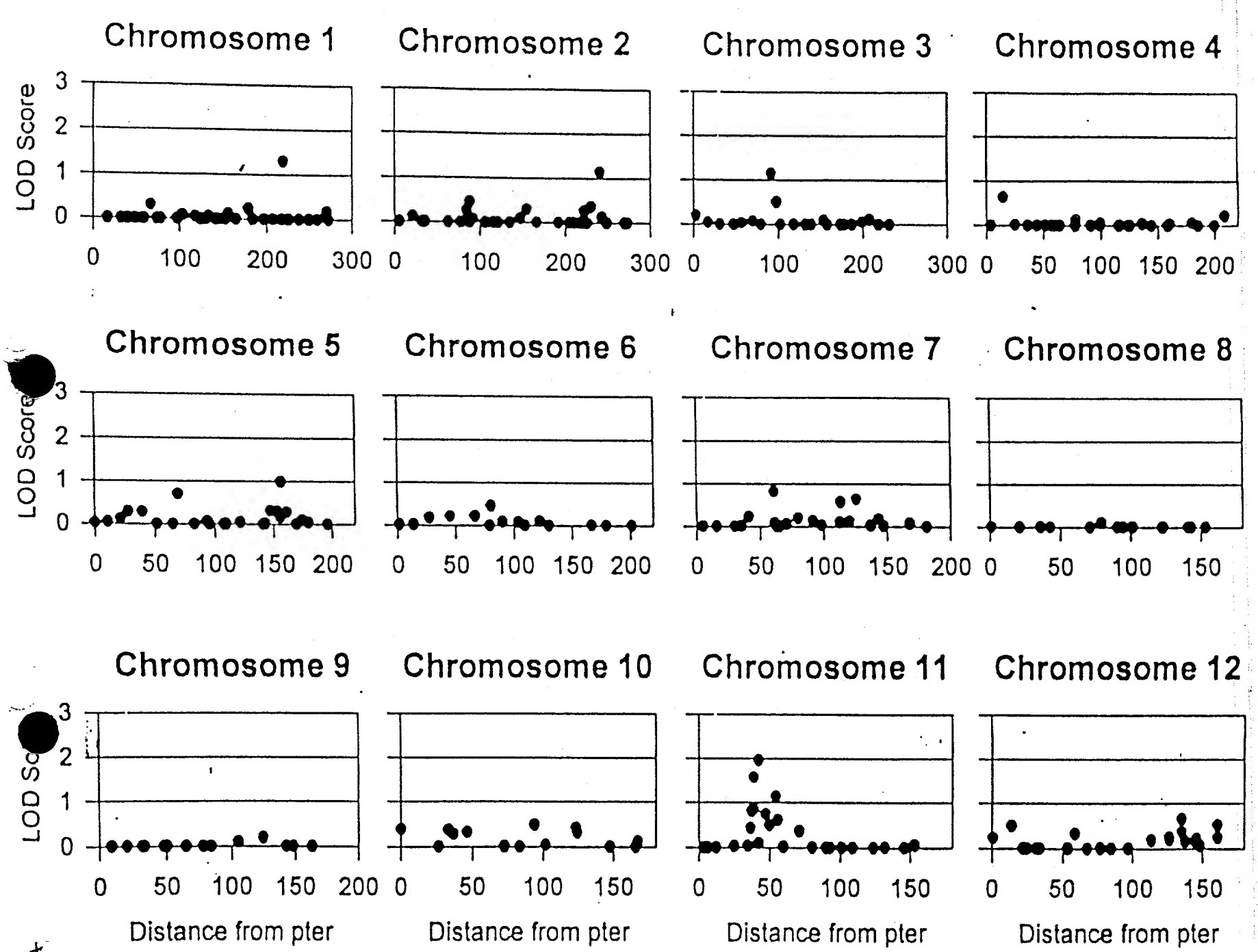


Figure 4A

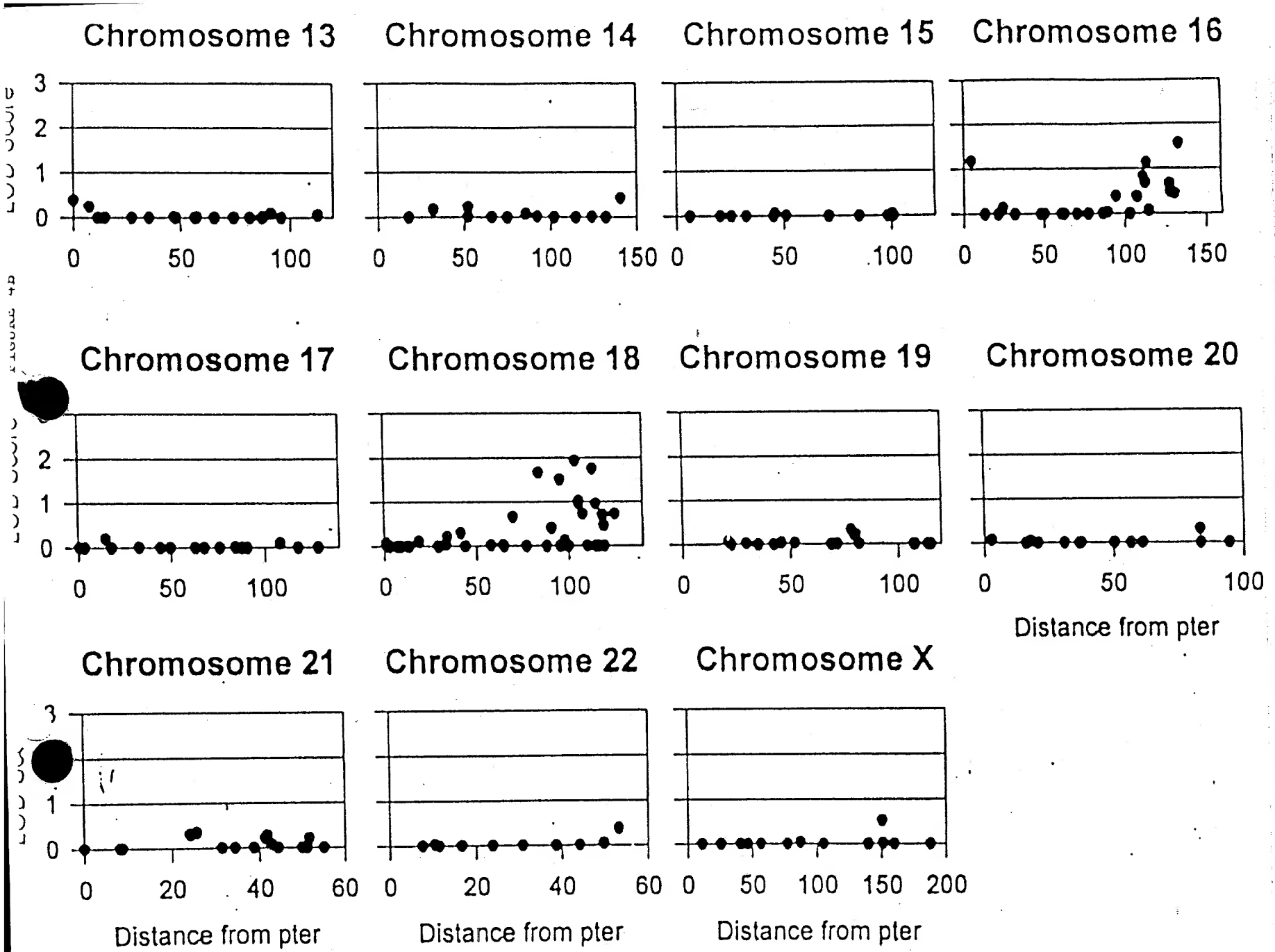
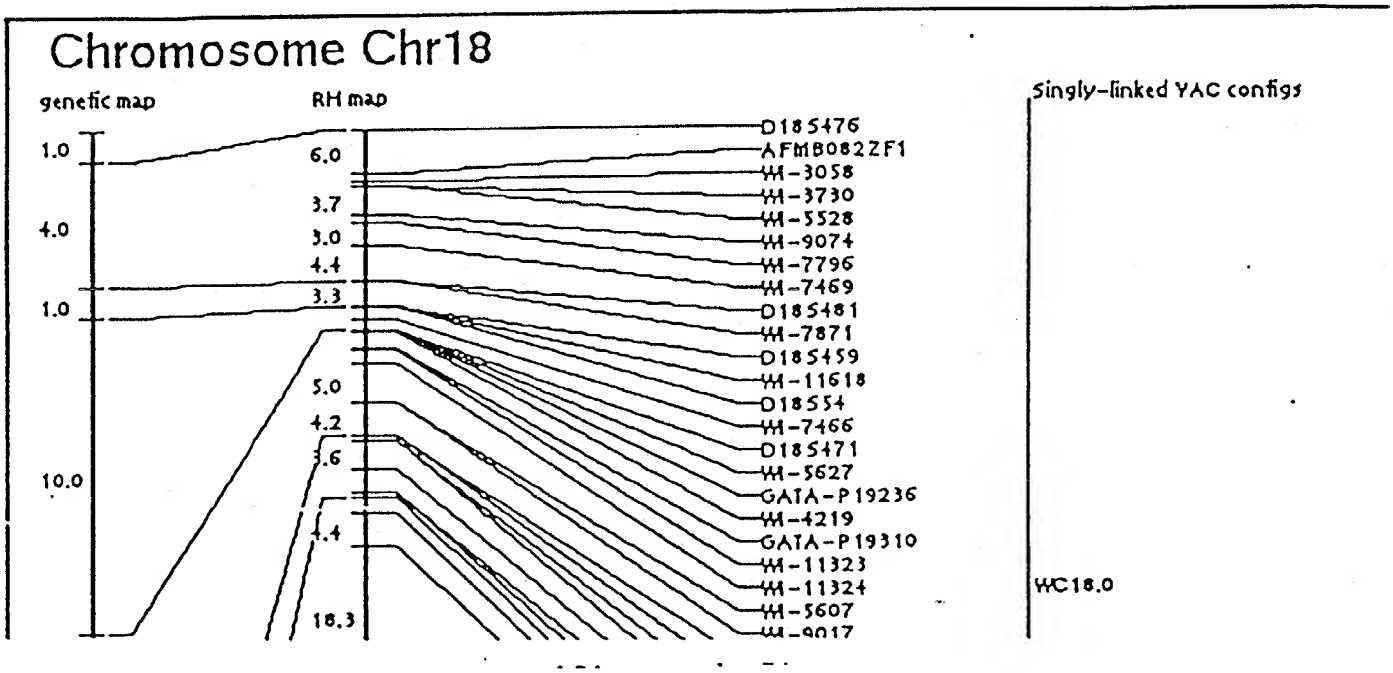


Figure 4B

Chr18: Contigs Anchored on Integrated Map

Be patient... This is a large image!



You can click on the name of an STS or a contig in order to retrieve information about it. Download this map as a PICT file (Macintosh) or a GIF (everybody else)

NOTES

1. This is a composite map in which the genetic linkage map from Généthon, and the radiation hybrid map from the Whitehead Institute/MIT Center are used to anchor YAC/STS contigs. We only show the subset of genetic- and radiation-hybrid mapped STSs for which positive YACs are present. For the genetic map, please refer to the linkage maps published in *Nature Genetics 7(2):246-339 (1994)* for the complete genetic maps.
2. The apparent size of a contig on this map does not always correlate with the number of its members. Some apparent "large" contigs are artifically expanded because of contradictions between the radiation hybrid map position of one or more markers on the genetic map, and adjacencies computed from YAC linkage. Contigs that appear to overlap may represent places where missing YAC data prevents the contigs from merging, or, in some cases, contradictions between the order derived from the radiation hybrid map and the order derived from the STS content map.
3. The large central gap that appears on many of the radiation hybrid maps corresponds to the centromere.
4. Markers derived from expressed sequence tags (ESTs) or other expressed sequences are colored red.

FIGURE 6A

This STS is part of singly-linked contig WC18.0:

	STS	Chrom	Map Position Genetic	RH	Contig Single	Double
1	WI-9527	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1465
2	CHLC.GGAT2G04	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1465
3	CHLC.GGAT2G04.1217	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1465
4	D18S59	Chr18	0 cM	-	WC18.0	WC-1465
5	D18S1140	Chr18	0 cM	-	WC18.0	WC-1465
6	WI-7796	Chr18	-	15 cR	WC18.0	-
7	WI-9074	Chr18	-	12 cR	WC18.0	WC-1465
8	WI-5528	Chr18	-	7 cR	WC18.0	-
9	D18S476	Chr18	1 cM	0 cR	WC18.0	-
10	WI-7226	Chr18	-	-	WC18.0	WC-909
11	AFMB324ZE5	Chr18	-	-	WC18.0	WC-909
12	AFMB082ZF1	Chr18	-	5 cR	WC18.0	WC-909
13	D18S1146	Chr18	1 cM	-	WC18.0	WC-909
14	WI-3058	Chr18	-	5 cR	WC18.0	WC-909
15	D18S1105	Chr18	1 cM	-	WC18.0	WC-909
16	WI-3730	Chr18	-	5 cR	WC18.0	WC-1576
17	AFM077YD11	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1576
18	D18S1098	Chr18	4 cM	-	WC18.0	WC-1576
19	WI-7469	Chr18	-	16 cR	WC18.0	WC-1576
20	WI-7871	Chr18	-	22 cR	WC18.0	WC-1576
21	D18S481	Chr18	5 cM	21 cR	WC18.0	WC-1576
22	WI-4747	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1576
23	D18S1154	Chr18	6 cM	-	WC18.0	WC-1576
24	CHLC.ATA14B09	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1576
25	WI-7466	Chr18	-	27 cR	WC18.0	WC-1576
26	D18S54	Chr18	6 cM	25 cR	WC18.0	WC-1576
27	D18S63	Chr18	6 cM	-	WC18.0	WC-1576
28	D18S459	Chr18	6 cM	25 cR	WC18.0	WC-1576
29	WI-6014	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1576
30	WI-4219	Chr18	-	28 cR	WC18.0	WC-143
31	AFM238YG3	Chr18	-	-	WC18.0	WC-143
32	D18S471	Chr18	17 cM	28 cR	WC18.0	WC-143
33	D18S458	Chr18	17 cM	-	WC18.0	WC-143

FIGURE 6B

34	D18S452	Chr18	17 cM	-	WC18.0	WC-143
35	D18S62	Chr18	17 cM	-	WC18.0	WC-143
36	WI-5627	Chr18	-	28 cR	WC18.0	WC-143
37	CHLC.GATA82D03	Chr18	-	28 cR	WC18.0	WC-143
38	FB25F12	Chr18	-	-	WC18.0	WC-143
39	CHLC.GATA51H07	Chr18	-	-	WC18.0	WC-143
40	CHLC.GATA88A12	Chr18	-	30 cR	WC18.0	WC-143
41	WI-9619	Chr18	-	-	WC18.0	WC-143
42	AFMB346YA9	Chr18	-	-	WC18.0	WC-143
43	AFM323TC9	Chr18	-	-	WC18.0	WC-862
44	WI-5607	Chr18	-	36 cR	WC18.0	WC-862
45	WI-9017	Chr18	-	36 cR	WC18.0	WC-862
46	AFM077YF7	Chr18	-	-	WC18.0	WC-934
47	WI-8546	Chr18	-	-	WC18.0	WC-934
48	CHLC.GGAA16G02	Chr18	-	-	WC18.0	WC-934
49	D18S464	Chr18	32 cM	46 cR	WC18.0	WC-934
50	NIB1802	Chr18	-	56 cR	WC18.0	WC-934
51	D18S1153	Chr18	34 cM	-	WC18.0	WC-934
52	D18S1150	Chr18	36 cM	-	WC18.0	WC-934
53	WI-4589	Chr18	-	58 cR	WC18.0	WC-934
54	WI-4319	Chr18	-	62 cR	WC18.0	WC-934
55	D18S1158	Chr18	38 cM	-	WC18.0	WC-934
56	D18S1116	Chr18	40 cM	-	WC18.0	WC-377
57	CHLC.GATA11A06.668	Chr18	-	48 cR	WC18.0	WC-377
58	CHLC.GATA11A06	Chr18	-	54 cR	WC18.0	WC-377
59	D18S53	Chr18	41 cM	-	WC18.0	WC-377
60	WI-9134	Chr18	-	52 cR	WC18.0	WC-377
61	IB1114	Chr18	-	-	WC18.0	WC-377
62	D18S482	Chr18	41 cM	56 cR	WC18.0	WC-377
63	WI-2382	Chr18	-	-	WC18.0	WC-377
64	WI-6819	Chr18	-	-	WC18.0	WC-377
65	D18S71	Chr18	43 cM	84 cR	WC18.0	WC-377
66	AFMA058YG5	Chr18	-	80 cR	WC18.0	WC-377
67	WI-5506	Chr18	-	90 cR	WC18.0	WC-377
68	D18S453	Chr18	43 cM	93 cR	WC18.0	WC-738
69	D18S73	Chr18	43 cM	-	WC18.0	WC-377
70	STSG-10174	Chr18	-	-	WC18.0	WC-377

FIGURE 6C

71	CHLC.GCT5D07	Chr18	-	101 cR	WC18.0	WC-377
72	WI-10768	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182
73	D18S1149	Chr18	49 cM	-	WC18.0	WC-1182
74	WI-1869	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182
75	D18S1104	Chr18	49 cM	-	WC18.0	WC-1182
76	AFMA205YH5	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182
77	AFMB340VE5	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182
78	CHLC.GATA41G05	Chr18	-	185 cR	WC18.0	WC-1182
79	AFMB319WF9	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182
80	D18S44	Chr18	-	-	WC18.0	WC-1182

Details on contig assembly.

Figure 7

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
D18SAVA5	225	0.04	0.02			
	227	**0.29**	**0.24**			
	229	**0.22**	**0.15**			
	231	0.04	0.08			
	233	0.14	0.23			
	235	0.25	0.22			
	237	0.02	0.03			
	239	0.00	0.00			
D18SCA211	183	0.02	0.04	0.01		
	189	0.00	0.01	0.01		
	191	0.01	0.00	0.03		
	193	0.24	0.17	0.33		
	195	0.21	0.19	0.18		
	197	0.06	0.11	0.03		
	199	0.06	0.04	0.01		
	201	0.10	0.14	0.10		
	203	0.02	0.04	0.06		
	205	0.16	0.18	0.14		
	207	0.09	0.04	0.06		
	209	0.02	0.02	0.02		
	211	0.01	0.00	0.00		
	215	0.00	0.00	0.00		
	217	0.00	0.00	0.01		
D18SCA212	**200**	0.40	0.40	0.39		
	202	0.31	0.32	0.29		
	204	0.05	0.05	0.03		
	206	0.04	0.06	0.10		
	214	0.01	0.00	0.00		
	216	0.14	0.12	0.15		

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
	218	0.04	0.00	0.04		
D18S1140	256	0.06	0.07	0.06		
	268	**0.77**	**0.72**	**0.73**		
	270	0.02	0.00	0.06		
	272	0.03	0.03	0.03		
	274	0.00	0.00	0.00		
	276	0.03	0.06	0.02		
	278	0.02	0.06	0.05		
	280	0.04	0.06	0.02		
	282	0.01	0.00	0.02		
MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
D18S59	148	0.16	0.26	0.21		
	150	0.07	0.09	0.14		
	152	0.02	0.06	0.01		
	154	**0.36**	**0.19**	**0.28**	**0.17**	**0.08**
	156	0.04	0.04	0.08		
	158	0.22	0.21	**0.13**		
	160	0.04	0.08	0.05		
	162	0.05	0.06	0.05		
	164	0.02	0.01	0.02		
	168	0.00	0.00	0.01		
D18STA201	214	0.02	0.00	0.00		
	220	0.09	0.09	0.04		
	222	0.01	0.00	0.01		
	228	0.01	0.01	0.00		
	230	**0.25**	**0.22**	**0.16**	**0.03**	**0.09**

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
	232	0.07	0.04	0.07		
	234	0.02	0.00	0.00		
	236	0.01	0.00	0.00		
	238	0.01	0.00	0.00		
	242	0.09	0.09	0.04		
	244	0.13	0.13	0.19		
	246	0.09	0.09	0.11		
	248	0.06	0.11	0.10		
	250	0.07	0.07	0.06		
	252	0.07	0.10	0.12		
	254	0.02	0.03	0.03		
	256	0.01	0.01	0.03		
	258	0.01	0.01	0.01		
	260	0.01	0.09	0.02		
	262	0.01	0.00	0.00		
D18SCA231	182	0.00	0.00	0		
	184	0.20	0.23	0.26		
	186	0.70	0.66	0.68		
	188	0.00	0.01	0.01		
	190	0.02	0.00	0.02		
	192	0.00	0.00	0.01		
	194	0.02	0.02	0		
	196	0.00	0.00	0		
	198	0.02	0.01	0		
	200	0.01	0.01	0.01		
	202	0.02	0.03	0.01		
MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
D18SAT201	170	0.53	0.55	0.52		
	174	0.00	0.01	0.01		
	178	0.37	0.36	0.36		
	182	0.01	0.00	0.00		
	186	0.07	0.06	0.07		
	190	0.01	0.00	0.00		
	194	0.01	0.01	0.03		
D18SCA225	160	0.16	0.20	0.21		
	168	0.02	0.04	0.00		
	170	0.00	0.00	0.01		
	172	**0.47**	**0.38**	**0.42**	**0.09**	**0.04**
	174	0.22	0.24	0.26		
	176	0.04	0.04	0.05		
	178	0.04	0.04	0.02		
	180	0.02	0.01	0.01		
	184	0.03	0.00	0.02		
D18SW3442	10	**0.42**	**0.28**	**0.36**	**0.14**	**0.06**
	12	0.01	0.01	0.01		
	14	0.07	0.11	0.11		
	16	0.12	0.17	0.12		
	18	0.18	0.15	0.14		
	20	0.05	0.09	0.09		
	22	0.08	0.10	0.11		
	24	0.05	0.08	0.03		
	26	0.00	0.00	0.02		
	38	0.00	0.00	0.00		
D18SCA213	112	0.12	0.17	0.07		
	120	0.00	0.05	0.01		
	122	0.03	0.03	0.04		
	124	0.44	0.37	0.46		

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
	126	0.30	0.24	0.35		
	128	0.08	0.11	0.06		
	130	0.00	0.00	0.00		
	132	0.03	0.02	0.01		
D18SGAT201	142	0.04	0.06	0.02		
	146	0.08	0.08	0.06		
	150	**0.61**	**0.62**	**0.69**		
	154	0.15	0.15	0.12		
	158	0.11	0.07	0.10		
	162	0.02	0.02	0.00		
D18SGAT203						
	188	0.42	0.37	0.38		
	192	0.12	0.14	0.17		
	196	0.01	0.04	0.01		
	200	0.02	0.04	0.01		
	204	0.06	0.02	0.04		
	208	0.19	0.21	0.20		
	212	0.11	0.11	0.11		
	216	0.09	0.07	0.08		
D18SCA219	221	0.00		0.01		
	223	0.00		0.00		
	225	0.00		0.00		
	233	0.00		0.00		
	235	0.22		0.21		
	239	0.02		0.01		
	241	0.54		0.63		
	243	0.07		0.07		
	245	0.13		0.06		
MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
D18S1105	101	0.16	0.11			
	103	0.12	0.08			
	105	0.03	0.02			
	81	0.02	0.01			
	83	0.01	0.02			
	85	0.51	0.54			
	87	0.01	0.06			
	91	0.00	0.00			
	95	0.01	0.04			
	97	0.04	0.04			
	99	0.08	0.06			
D18SCA209	173	0.57	0.53	0.69		
	175	0.02	0.03	0.04		
	177	**0.20**	0.18	**0.09**		
	179	0.01	0.03	0.00		
	181	0.19	0.24	0.18		
	187	0.00	0.00	0.00		
D18SCA202	182	0.16	0.14			
	184	0.02	0.00			
	186	0.01	0.01			
	190	0.09	0.02			
	192	0.10	0.16			
	194	0.10	0.09			
	196	0.37	0.35			
	198	0.09	0.10			
	200	0.05	0.08			
	202	0.00	0.03			
	208	0.00	0.00			
D18S1146	270	0.32	0.35			
	272	0.07	0.10			
	274	0.60	0.51			

18p allele frequencies

MARKERNAME		aff 105	ntrans	control		
	276	0.02	0.04			
D18S166D05	300	0.17	0.21	0.19		
	304	0.16	0.12	0.14		
	308	0.18	0.18	0.13		
	312	**0.35**	**0.26**	**0.36**	**	
	316	0.08	0.18	0.11		
	320	0.04	0.04	0.03		
	324	0.01	0.01	0.02		
D18S476	261	0.00	0.01	0.01		
	263	0.01	0.04	0.04		
	265	0.05	0.12	0.04		
	267	0.20	0.26	0.23		
	269	0.08	0.09	0.04		
	271	**0.56**	**0.38**	**0.54**	***	
	273	0.04	0.08	0.07		
	275	0.04	0.03	0.03		

Figure 8

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201	PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
200	279	280	218	1	268	1	158	1	186	1	242	1	178	1	160	1	14	1	112	1	150	1	188	1
200			200	1	268	1	158	1	186	1	248	1	170	1	160	1	14	1	124	1	150	1	208	1
204	309	349	200	1	282	1	150	1	202	1	220	1	170	1	160	1	18	1	124	1	154	1	208	1
204			206	1	268	1	158	1	184	1	250	1	170	1	184	1	22	1	112	1	158	1	212	1
206	1	2	218	0	276	0	156	0	186	0	252	0	186	0	174	0	18	0	124	1	150	0	212	0
206			200	0	268	0	148	0	184	0	248	0	170	0	160	0	14	0	124	1	146	0	188	0
207	277	278	200	1	268	1	154	1	194	1	220	1	170	1	178	1	18	1	128	1	146	1	192	1
207			204	1	268	1	158	1	184	1	230	1	178	1	176	1	22	1	112	1	154	1	216	1
209	0	0	200	1	268	0	154	1	186	0	242	1	170	1	172	1	10	1	126	0	146	1	188	1
209			200	1	256	0	150	1	184	0	254	1	186	1	172	1	16	1	124	0	158	1	188	1
213	0	0	216	0	272	1	150	1	186	0	250	1	170	1	160	1	10	1	124	1	150	1	212	1
213			200	0	282	1	150	1	184	0	238	1	170	1	180	1	14	1	124	1	150	1	196	1
214	460	459	202	1	268	1	158	1	200	1	220	1	178	1	176	1	10	1	126	1	150	1	188	1
214			216	1	276	1	154	1	186	1	242	1	170	1	176	1	18	1	124	1	150	1	188	1
215	1	270	218	1	276	1	160	0	186	1	242	1	178	1	174	1	14	1	124	1	154	0	192	1
215			200	1	268	1	154	0	186	1	230	1	170	1	160	1	14	1	124	1	150	0	188	1
216	1	259	204	1	278	0	156	1	186	0	230	1	178	1	170	1	16	1	130	1	154	0	216	1
216			200	1	268	0	162	1	184	0	252	1	170	1	160	1	14	1	128	1	150	0	192	1
218	273	272	200	1	268	1	162	1	186	1	220	1	186	1	172	0	10	1	112	1	150	1	212	1
218			200	1	268	1	158	1	186	1	246	1	170	1	174	0	20	1	124	1	158	1	188	1
219	0	0	202	1	256	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	**10**	1	124	1	154	1	188	1
219			200	1	268	1	168	1	184	1	250	1	170	1	174	1	16	1	126	1	146	1	188	1
220	267	2	216	0	268	1	152	1	186	1	230	1	178	1	176	1	10	1	126	1	154	1	208	1
220			200	0	268	1	154	1	186	1	232	1	178	1	172	1	**10**	1	126	1	142	1	212	1
221	0	0	202	1	268	1	160	1	184	0	250	1	178	0	174	0	18	0	124	1	154	1	216	1
221			202	1	268	1	154	1	186	0	250	1	170	0	172	0	10	0	126	1	158	1	188	1
223	0	0	202	1	280	0	148	0	184	0	256	0	186	0	174	0	18	1	124	1	158	0	212	0
223			202	1	268	0	154	0	186	0	252	0	178	0	172	0	18	1	124	1	146	0	208	0
225	264	2	200	1	268	1	164	1	186	1	230	1	178	0	172	0	26	0	124	1	158	1	216	1
225			200	1	268	1	158	1	186	1	246	1	170	0	168	0	10	0	124	1	158	1	188	1
226	1	2	202	1	268	0	154	0	186	0	230	0	178	0	172	0	**10**	0	124	1	150	0	188	1
226			202	1	256	0	148	0	184	0	254	0	170	0	174	0	16	0	124	1	142	0	188	1
228	1	260	200	1	268	1	150	1	202	1	220	1	170	1	174	0	18	1	128	1	150	1	192	1
228			200	1	268	1	158	1	186	1	242	1	178	1	172	0	18	1	124	1	158	1	208	1

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201	PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
229	257	2	200	1	268	0	154	1	186	1	244	1	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	192	1
229			216	1	256	0	158	1	186	1	244	1	186	1	174	1	24	1	124	1	146	1	216	1
230	0	0	202	1	268	1	160	1	186	1	230	1	170	1	172	0	18	1	122	1	150	1	208	1
230			202	1	268	1	158	1	186	1	248	1	170	1	160	0	12	1	124	1	150	1	216	1
231	299	298	216	1	268	1	158	1	186	1	220	1	170	1	172	1	20	1	124	1	150	1	204	1
231			218	1	268	1	158	1	186	1	244	1	170	1	174	1	22	1	126	1	150	1	204	1
232	1	310	206	1	268	1	150	1	186	1	222	1	170	1	172	1	20	1	124	1	154	0	188	1
232			200	1	268	1	158	1	186	1	230	1	170	1	178	1	10	1	126	1	150	0	188	1
234	1	261	200	1	268	1	148	1	184	1	252	1	170	1	174	1	10	1	126	1	162	1	208	1
234			200	1	268	1	158	1	186	1	262	1	170	1	174	1	24	1	126	1	150	1	192	1
235	0	0	200	1	276	0	150	1	186	0	248	1	170	1	172	1	10	1	112	1	154	0	192	1
235			202	1	268	0	156	1	184	0	214	1	170	1	174	1	22	1	124	1	150	0	192	1
237	0	0	200	1	268	1	158	1	186	1	214	1	178	1	172	1	16	1	126	0	150	1	208	1
237			200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	186	1	172	1	16	1	124	0	154	1	208	1
238	456	457	202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	**10**	1	128	1	150	1	208	1
238			200	1	268	1	158	1	186	1	230	1	170	1	178	1	14	1	112	1	150	1	188	1
239	312	2	218	1	268	1	160	1	186	0	248	1	170	1	172	1	16	1	124	1	154	0	208	1
239			200	1	268	1	158	1	184	0	242	1	178	1	172	1	18	1	124	1	150	0	188	1
240	1	2	200	1	268	1	158	0	186	1	242	0	178	1	172	1	18	1	128	0	154	0	188	1
240			200	1	268	1	148	0	186	1	230	0	178	1	172	1	18	1	124	0	146	0	188	1
241	1	342	216	1	268	1	158	1	184	0	246	1	170	1	172	1	20	1	126	0	150	1	188	1
241			200	1	268	1	158	1	186	0	250	1	170	1	172	1	10	1	124	0	142	1	188	1
242	0	0	216	1	268	1	156	0	186	1	244	1	186	1	174	1	14	0	126	1	150	1	192	0
242			200	1	268	1	154	0	186	1	244	1	170	1	160	1	10	0	126	1	150	1	188	0
243	347	274	200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	0	172	0	**10**	1	124	1	150	1	188	0
243			218	1	268	1	150	1	186	1	252	1	170	0	160	0	38	1	124	1	146	1	208	0
245	0	0	200	1	268	1	154	1	186	1	232	1	178	0	172	1	**10**	1	126	1	154	1	216	1
245			202	1	268	1	150	1	186	1	242	1	170	0	172	1	16	1	124	1	150	1	192	1
246	1	262	204	0	270	1	158	1	186	1	246	1	178	0	172	1	16	1	126	1	150	1	188	1
246			202	0	268	1	154	1	186	1	242	1	170	0	172	1	22	1	122	1	150	1	216	1
247	303	302	202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	174	1	10	1	124	1	158	1	188	1
247			200	1	268	1	154	1	186	1	242	1	170	1	176	1	10	1	126	1	150	1	216	1
248	334	333	200	1	268	1	154	1	184	1	232	1	170	1	160	1	20	1	112	1	150	1		0
248			202	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	174	1	16	1	112	1	146	1		0

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201	PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
249	1	2	200	0	268	0	154	0	186	1	230	0	194	0	172	0	**10**	0	124	1	150	1	188	1
249			216	0	256	0	148	0	186	1	246	0	178	0	174	0	16	0	124	1	150	1	188	1
251	301	300	216	1	272	1	150	1	184	1	250	1	170	1	160	1	10	1	124	1	150	1	212	1
251			216	1	268	1	158	1	186	1	244	1	186	1	174	1	20	1	124	1	150	1	188	1
252	1	285	200	0	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	**10**	1	124	0	150	1	188	1
252			204	0	268	1	158	1	186	1	246	1	170	1	160	1	18	1	126	0	150	1	216	1
253	1	258	216	0	268	1	160	1	186	1	228	1	170	1	160	1	16	1	124	1	150	1	188	1
253			200	0	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	160	1	16	1	126	1	150	1	216	1
254	467	2	202	1	268	1	160	1	186	1	230	1	170	0	172	1	18	1	122	1	150	1	208	0
254			200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	0	172	1	**10**	1	124	1	142	1	188	0
265	1	266	216	1	272	1	150	1	184	1	250	1	170	1	160	1	10	1	126	0	150	1	212	1
265			202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	**10**	1	124	0	150	1	188	1
311	1	485	216	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	160	1	10	1	126	1	150	1	188	1
311			200	1	268	1	162	1	186	1	242	1	186	1	174	1	10	1	124	1	158	1	208	1
314	348	313	200	1	268	1	148	1	184	1	248	1	170	1	168	1	18	0	124	1	150	1	208	1
314			216	1	268	1	162	1	184	1	250	1	170	1	172	1	10	0	126	1	150	1	188	1
316	1	317	214	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	**10**	1	124	1	150	1	208	0
316			200	1	268	1	154	1	186	1	242	1	170	1	172	1	10	1	126	1	150	1	188	0
319	318	2	202	0	272	0	158	0	184	0	244	1	178	0	184	0	10	1	126	0	150	1	188	1
319			200	0	256	0	154	0	186	0	244	1	170	0	174	0	10	1	112	0	150	1	188	1
321	1	320	202	0	268	1	158	0		0		0	178	1	178	0	18	1	128	0		0		0
321			200	0	268	1	154	0		0		0	170	1	172	0	10	1	124	0		0		0
324	0	0	202	1	268	1	158	1	186	1	232	1	178	1	172	0	24	1	112	1	150	1	212	1
324			216	1	268	1	150	1	196	1	220	1	170	1	160	0	18	1	128	1	154	1	208	1
326	325	336	206	1	280	1	152	1	198	1	232	1	170	1	172	1	16	1	124	1	150	1	188	1
326			202	1	268	1	154	1	186	1	232	1	178	1	172	1	16	1	132	1	150	1	192	1
329	1	330	200	1	268	1	154	0	186	1	248	1	170	1	160	1	14	1	128	1	150	1	188	1
329			206	1	268	1	148	0	186	1	234	1	170	1	172	1	22	1	124	1	150	1	208	1
211	1	2	200	0	268	1	154	0	186	0	230	0	178	1	172	1	10	0	126	0	150	0	188	1
211			204	0	268	1	148	0	198	0	252	0	178	1	172	1	18	0	112	0	154	0	188	1
353	1	352	218	1	280	0	148	1	186	1	246	1	170	1	160	1	18	1	132	1	154	1	192	1
353			200	1	268	0	148	1	186	1	246	1	170	1	172	1	18	1	112	1	146	1	192	1
356	362	2	216	1	268	1	154	1	**186**	0	248	1	178	0	**172**	1	**10**	0	**124**	1	**150**	1	208	1
356			204	1	268	1	164	1	190	0	232	1	170	0	172	1	18	0	126	1	150	1	216	1

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
357	1	358	202	0	268	1	154	0	186	1	232	1	178		1	160	1	10	1	128	0	150	1	196	1
357			214	0	278	1	158	0	186	1	248	1	178		1	184	1	10	1	124	0	150	1	208	1
359	378	365	202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178		1	172	1	**10**	1	126	1	154	1	188	1
359			202	1	272	1	158	1	184	1	244	1	178		1	184	1	10	1	112	1	150	1	188	1
367	1	366	202	1	268	1	154	1	186	1	232	1	178		1	172	1	**10**	1	126	1	158	0	208	1
367			202	1	268	1	154	1	186	1	242	1	178		1	172	1	**10**	1	112	1	142	0	208	1
372	1	370	200	1	268	1	154	1	186	0		0			0	172	1	10	1	124	0	150	1		0
372			216	1	268	1	148	1	184	0		0			0	174	1	10	1	126	0	150	1		0
384	389	2	202	1	268	1	156	1	186	1	246	1	170		1	174	1	10	1	126	1	150	1	188	1
384			202	1	268	1	154	1	186	1	250	1	170		1	174	1	10	1	126	1	158	1	188	1
409	408	410	216	1	268	1	148	1	200	1	220	1	170		1	184	1	24	1	132	1	154	1	208	1
409			202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178		1	172	1	**10**	1	124	1	150	1	216	1
435	1	433	200	1	280	1	148	1	184	1	252	1	178		1	178	0	22	1	126	1	150	1	204	1
435			202	1	268	1	156	1	194	1	220	1	170		1	172	0	22	1	126	1	150	1	204	1
443	1	444	206	1	280	1	148	1	186	1	246	1	178		1	176	0	14	1	128	1	154	0	192	1
443			202	1	256	1	154	1	186	1	230	1	178		1	172	0	**10**	1	124	1	150	0	188	1
458	1	551	200	1	268	1	162	1	186	1	230	1	178		1	172	1	22	1	126	1	150	1	208	0
458			200	1	268	1	154	1	186	1	234	1	178		1	172	1	12	1	128	1	154	1	188	0
488	1	508	216	1	268	1	160	1	184	1	232	1	170		1	172	1	18	1	122	1	150	1	208	1
488			216	1	268	1	160	1	184	1	232	1	170		1	172	1	18	1	122	1	150	1	208	1
501	528	527	200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178		1	176	1	10	1	126	1	150	1	216	1
501			206	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170		1	172	1	16	1	126	1	154	1	208	1
505	1	502	202	1	268	1	158	1	186	1	244	1	170		1	172	1	22	1	126	1	150	1	188	1
505			200	1	268	1	158	1	186	1	244	1	170		1	172	1	16	1	126	1	150	1	188	1
516	1	517	202	0	268	1	158	0		0		0			0		0	10	1	128	0		0	208	0
516			200	0	268	1	148	0		0		0			0		0	10	1	124	0		0	200	0
537	532	534	202	1	256	1	154	1	186	1	230	1	178		0	172	1	**10**	1	124	1	150	1	188	1
537			216	1	268	1	154	1	184	1	230	1	170		0	172	1	10	1	126	1	146	1	216	1
531	1	529	202	0	268	1	150	1	184	1	254	1	170		1	160	1	18	0	124	1	158	1	188	1
531			200	0	268	1	154	1	186	1	244	1	170		1	174	1	10	0	124	1	150	1	192	1
574	0	0	206	1	274	0	152	1	194	1	236	1	170		1	174	0	18	1	124	1	150	1	192	0
574			200	1	268	0	148	1	184	1	252	1	186		1	172	0	18	1	124	1	146	1	188	0
578	576	579	202	1	280	1	154	1	186	1	214	1	170		1	174	1	18	1	124	1	150	1	192	1
578			202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178		1	172	1	**10**	1	124	1	162	1	188	1

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201	PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
587	580	582	202	1	256	1	158	1	186	1	248	1	170	1	174	1	16	1	124	1	150	1	208	1
587			202	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	172	1	10	1	132	1	150	1	208	1
361	1	360	204	0	270	1	158	1	186	1	244	1	170	1	172	1	10	1	126	1	150	1	208	1
361			202	0	276	1	148	1	186	1	236	1	170	1	172	1	20	1	128	1	150	1	212	1
368	0	0	204	1	268	1	164	1	186	1	242	0	178	0	172	1	10	1	124	0	150	1	192	1
368			202	1	256	1	154	1	186	1	230	0	170	0	160	1	10	1	126	0	154	1	212	1
374	1	2	200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	174	0	10	1	126	0	150	0	188	0
374			200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	160	0	10	1	124	0	142	0	212	0
399	0	0	202	1	268	1	148	1	184	1		0	170	1	174	0	16	1	124	1	142	1	188	1
399			204	1	272	1	158	1	186	1		0	178	1	172	0	18	1	126	1	150	1	200	1
411	1	2	216	0	270	0	164	0	184	0	252	0	170	0	174	0	18	0	124	1	150	0	188	1
411			202	0	268	0	154	0	186	0	230	0	178	0	160	0	10	0	124	1	142	0	188	1
413	414	412	200	1	268	1	158	1	186	1	230	1	178	1	178	1	18	1	112	1	150	1	188	1
413			202	1	280	1	148	1	186	1	244	1	170	1	176	1	24	1	126	1	154	1	188	1
236	697	698	216	1	268	1	158	1	186	1	220	1	170	1	172	1	20	1	124	1	150	1	204	1
236			216	1	268	1	158	1	186	1	220	1	170	1	172	1	20	1	124	1	150	1	204	1
421	0	0	200	1	268	1	148	1	184	0	252	1	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	188	1
421			202	1	268	1	152	1	186	0	242	1	190	1	172	1	10	1	126	1	150	1	188	1
424	1	2	200	1	268	1	158	0	194	0	220	0	170	0	178	0	24	0	128	0	150	0	208	0
424			200	1	268	1	154	0	186	0	232	0	178	0	160	0	18	0	112	0	146	0	192	0
452	1	2	202	0	256	0	148	0	184	1	252	0	170	1	174	0	16	0	124	1	158	0	188	1
452			200	0	268	0	154	0	184	1	250	0	170	1	160	0	10	0	124	1	150	0	188	1
473	1	472	202	1	268	1	162	1	186	1	246	1	170	1	180	1	22	0	126	1	150	1	212	1
473			218	1	268	1	148	1	186	1	244	1	170	1	160	1	10	0	124	1	146	1	188	1
484	482	2	200	1	276	1	148	1	182	0	246	1	170	1	174	1	14	1	124	1	150	1	188	1
484			206	1	256	1	154	1	186	0	244	1	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	212	1
487	1	486	200	1	268	1	158	1	190	0	248	1	170	1	174	1	12	0	126	1	158	1	192	1
487			202	1	278	1	148	1	186	0	246	1	182	1	180	1	10	0	112	1	150	1	208	1
331	1	476	202	0	268	1	154	1	186	1	234	1	178	0	172	1	24	1	126	0	158	0	212	0
331			200	0	268	1	154	1	186	1	230	1	170	0	172	1	10	1	112	0	150	0	188	0
489	0	0	202	1	268	1	158	1	186	1	244	1	170	1	172	1	10	1	124	1	150	1	204	1
489			200	1	268	1	148	1	202	1	220	1	178	1	**172**	**1**	**10**	**1**	132	1	162	1	208	1
498	1	635	200	1	268	1	160	1	186	1	246	1	170	1	172	1	14	1	122	1	150	1	208	1
498			200	1	268	1	164	1	186	1	246	1	170	1	172	1	18	1	112	1	150	1	188	1

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
566	0	0	216	1	268	1	148	1	202	1	220	0	178	1		174	1	10	1	124	1	150	1	212	1
566			202	1	268	1	154	1	186	1	230	0	178	1		172	1	**10**	1	128	1	150	1	208	1
514	1	2	202	0	268	1	154	1	186	0	230	1	178	1		172	0	**10**	1	124	1	154	0	192	1
514			200	0	268	1	154	1	184	0	230	1	178	1		168	0	10	1	124	1	146	0	192	1
536	1	633	202	1	270	0	148	1	184	1	254	1	170	1		168	0	16	1	132	0	162	1	212	0
536			200	1	268	0	154	1	186	1	252	1	178	1		172	0	24	1	124	0	154	1	188	0
605	1	2	216	0	268	1	158	0	198	0	244	0	170	0		172	1	16	0	124	1	158	0	200	0
605			200	0	268	1	150	0	186	0	220	0	178	0		172	1	**10**	0	124	1	150	0	188	0
540	539	562	200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1		172	1	**10**	1	124	1	150	1	216	1
540			216	1	268	1	148	1	186	1	230	1	194	1		172	1	22	1	112	1	154	1	212	1
684	1	730	202	0	268	1	158	1	186	1	232	1	178	1		160	1	24	1	112	1	150	1	212	1
684			200	0	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1		160	1	10	1	126	1	150	1	188	1
608	1	2	206	0	268	1	156	0	192	0	244	0	170	1		178	0	22	0	126	1	150	1	204	0
608			202	0	268	1	154	0	186	0	220	0	170	1		174	0	10	0	126	1	150	1	188	0
637	1	638	216	1	268	1	162	0	186	1	250	1	182	1		172	1	10	1	124	1	142	0	208	1
637			200	1	268	1	154	0	186	1	230	1	178	1		172	1	**10**	1	124	1	150	0	212	1
649	647	646	200	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1		172	1	**10**	1	124	1	150	1	188	1
649			200	1	270	1	162	1	184	1	250	1	170	1		180	1	10	1	112	1	154	1	188	1
653	1	652	200	1	280	0	160	0	184	1	230	1	178	1		184	1	20	1	128	1	154	1		0
653			200	1	268	0	148	0	186	1	230	1	178	1		168	1	22	1	112	1	150	1		0
491	1	2	204	0	268	1	158	0	194	0	256	0	178	0		180	0	22	0	124	1	158	0	204	0
491			202	0	268	1	148	0	184	0	230	0	170	0		174	0	10	0	124	1	154	0	188	0
493	1	2	202	0	282	0	158	0	186	1	242	1	170	1		174	0	16	0	124	1	158	0	212	0
493			200	0	268	0	156	0	186	1	242	1	170	1		172	0	14	0	124	1	150	0	204	0
506	1	2		0		0		0		0		0		0			0		0		0	150	1		0
506				0		0		0		0		0		0			0		0		0	150	1		0
661	660	662	200	1	278	1	156	1	198	1	220	1	170	1		174	1	20	1	126	1	154	1	204	1
661			200	1	268	1	148	1	184	1	250	1	186	1		174	1	18	1	120	1	150	1	188	1
667	666	668	202	1	268	1	154	1	186	1	214	1	170	1		160	1	22	1	124	1	146	1	212	1
667			202	1	268	1	162	1	186	1	246	1	178	1		172	1	18	1	112	1	158	1	188	1
669	670	671	202	1	268	1	162	1	186	1	258	1	186	1		174	1	18	1	126	1	150	1	188	1
669			200	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1		160	1	10	1	126	1	150	1	188	1
676	1	678	202	0	268	1	158	1	190	1	244	1	178	1		172	1	16	1	126	1	158	1	188	1
676			200	0	280	1	148	1	184	1	252	1	178	1		172	1	22	1	126	1	150	1	216	1

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212		1140		59		ca231		ta201		at201	PD	ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
681	1	2	202	0	256	0	162	0	186	1	260	0	186	0	174	0	18	0	126	0	150	1	192	0
681			200	0	268	0	154	0	186	1	230	0	178	0	172	0	**10**	0	124	0	150	1	188	0
351	354	2	202	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	172	1	16	1	126	1	150	1	188	1
351			216	1	268	1	156	1	186	1	244	1	186	1	174	1	24	1	124	1	150	1	208	1
355	1	2	216	0	272	0	158	0	190	0	248	0	170	0	172	1	18	0	126	0	158	0	188	1
355			204	0	268	0	152	0	186	0	244	0	178	0	172	1	**10**	0	124	0	150	0	188	1

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	1	85	1	173	1	192	1	272	1	312	1	271	1
233	1	99	1	181	1	196	1	270	1	304	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	274	0	312	1	273	1
245	1	103	1	177	1	194	1	270	0	308	1	267	1
241	1	85	1	173	1	198	0	274	1	308	0	275	0
241	1	85	1	173	1	194	0	274	1	304	0	271	0
241	1	87	1	173	1	182	1	272	1	300	1	271	1
235	1	101	1	181	1	196	1	274	1	312	1	271	1
235	1	85	1	173	1	182	1	274	1	312	1	271	1
243	1	85	1	173	1	192	1	274	1	316	1	267	1
245	1	103	1	177	1	194	0	274	0	312	1	271	1
235	1	91	1	181	1	182	0	270	0	316	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	274	1	312	1	271	1
241	1	103	1	177	1	196	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	0	270	1	300	1	271	0
235	1	85	1	181	1	190	0	274	1	312	1	267	0
235	1	81	1	173	1	182	1	274	1	324	1	271	0
223	1	83	1	173	1	192	1	274	1	300	1	267	0
245	1	103	1	177	1	196	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	312	1	265	1
241	1	105	0	173	1	196	1	270	1	304	1	267	1
241	1	101	0	173	1	196	1	270	1	308	1	271	1
241	1	87	0	173	1	192	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	0	173	1	196	1	274	1	304	1	267	1
245	1	97	1	177	1	194	1	274	1	312	0	271	1
235	1	99	1	181	1	198	1	274	1	300	0	271	1
241	0	95	0	181	0	198	0	274	1	320	0	273	0
235	0	85	0	173	0	196	0	274	1	308	0	271	0
235	1	101	0	181	0	196	1	272	1	312	1	271	1
235	1	85	0	173	0	200	1	274	1	308	1	271	1
241	0	85	0	173	1	200	0	274	0	312	0	271	0
243	0	101	0	173	1	196	0	270	0	304	0	267	0
241	1	85	1	173	1	182	1	274	1	316	1	271	0
241	1	99	1	173	1	200	1	274	1	300	1	269	0

Affected haplotypes

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	1	85	1	177	1	196	1	270	1	304	1	271	1
245	1	99	1	177	1	192	1	274	1	308	1	265	1
245	1	97	1	177	1	196	0	274	1	304	1	275	0
245	1	99	1	177	1	192	0	270	1	308	1	267	0
243	1	103	1	175	1	198	1	274	1	300	1	271	1
245	1	85	1	173	1	194	1	274	1	312	1	271	1
235	1	101	0	181	0	196	1	270	1	316	1	267	1
235	1	85	0	173	0	196	1	274	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	200	0	270	1	304	1	273	1
241	1	85	1	177	1	198	0	274	1	308	1	271	1
241	0	101	0	177	1	182	1	274	1	312	1	273	1
235	0	85	0	177	1	190	1	274	1	300	1	275	1
241	1	85	1	173	1	194	1	274	1	308	1	271	1
239	1	85	1	173	1	196	1	270	1	308	1	271	1
245	0	85	1	177	1	198	1	274	1	320	1	271	1
241	0	85	1	173	1	196	1	274	1	308	1	265	1
241	1	99	0	177	1	198	1	270	1	312	1	271	0
241	1	85	0	173	1	182	1	270	1	312	1	263	0
241	0	101	0	187	0	200	0	270	1	312	0	271	1
235	0	85	0	173	0	182	0	270	1	300	0	271	1
241	0	101	1	181	0	196	1	274	1	308	0	275	0
235	0	83	1	173	0	196	1	274	1	304	0	267	0
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	300	1	275	1
235	1	101	1	181	1	196	1	272	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	300	1	271	1
239	1	103	1	173	1	194	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	194	1	274	1	316	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	308	1	271	1
241	1	105	1	173	1	196	1	274	1	312	0	271	0
235	1	101	1	181	1	182	1	270	1	300	0	267	0
243	1	85	1	173	1	196	1	274	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	190	1	270	1	316	1	271	1
241	1	85	1	177	1	196	1	274	1	304	1	271	0
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	312	1	267	0

Affected haplotypes

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	1	85	0	173	1	192	0	272	0	312	0	273	0
241	1	103	0	173	1	182	0	270	0	304	0	267	0
245	1	103	1	181	0	194	1	270	1	312	1	271	1
235	1	101	1	177	0	202	1	274	1	312	1	271	1
241	0	103	1	181	0	196	1	276	0	304	1	271	1
235	0	101	1	173	0	208	1	274	0	300	1	267	1
241	1	85	1	173	1	198	1	274	1	304	1	271	1
241	1	85	1	173	1	190	1	274	1	312	1	271	1
245	1	97	1	177	1	196	1	274	1	304	1	275	0
235	1	99	1	181	1	196	1	274	1	304	1	271	0
245	1	103	1	177	1	194	1	270	1	312	1	271	1
245	1	85	1	173	1	192	1	274	1	308	1	267	1
235	1	101	1	181	1	196	0	272	1	300	1	271	0
241	1	85	1	173	1	184	0	274	1	320	1	269	0
245	1	85	1	177	1	196	1	274	1	312	1	271	1
235	1	101	1	181	1	182	1	270	1	312	1	269	1
241	0	103	0	181	0	190	1	274	1	312	0	271	0
235	0	101	0	173	0	190	1	274	1	304	0	267	0
241	1	101	1	181	0	196	0	274	1	312	1	271	1
235	1	103	1	173	0	192	0	274	1	300	1	271	1
	0	101	1		0		0	270	1	304	1		0
	0	85	1		0		0	272	1	300	1		0
241	1	85	1	173	1	194	0	274	0	312	1	269	1
241	1	101	1	177	1	182	0	270	0	312	1	267	1
241	1	85	1	173	1	182	1	276	1	320	1	269	1
241	1	85	1	173	1	194	1	270	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	200	1	272	0	304	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	0	316	1	271	1
241	0	85	1	181	1	190	0	274	1	316	0	267	0
235	0	85	1	181	1	182	0	274	1	312	0	263	0
235	1	81	1	179	1	196	0	274	1	312	1	269	1
235	1	85	1	179	1	182	0	274	1	312	1	271	1
235	1	85	0	181	1	194	1	274	1	300	1	275	0
241	1	101	0	173	1	196	1	270	1	300	1	271	0

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
243	0	103	0	177	0	196	0	274	0	308	1	271	1
241	0	85	0	173	0	190	0	270	0	312	1	265	1
235	1	99	1	181	1	196	1	274	1	308	1	271	0
235	1	101	1	181	1	196	1	272	1	308	1	267	0
241	1	85	1	177	0	192	1	270	1	316	0	269	0
245	1	85	1	173	0	184	1	274	1	308	0	265	0
241	1	99	1	177	1		0	274	0	308	1	267	1
241	1	105	1	173	1		0	270	0	300	1	271	1
241	0	103	1	181	0	190	1	274	1	312	1	271	1
235	0	97	1	173	0	198	1	270	1	300	1	267	1
241	1	99	1	177	0	182	1	274	1	308	1	271	1
241	1	85	1	173	0	196	1	274	1	300	1	271	1
245	1	85	1	177	1	182	1	274	1	312	1	273	1
245	1	85	1	177	1	182	1	274	1	312	1	267	1
241	1	85	1	175	1	196	1	274	1	320	1	261	1
241	1	101	1	173	1	196	1	270	1	304	1	267	1
241	0	85	1	173	1	186	1	270	1	316	1	269	1
239	0	85	1	173	1	182	1	270	1	312	1	273	1
235	1	101	1	181	1	184	1	274	1	324	1	269	1
235	1	101	1	181	1	184	1	274	1	324	1	269	1
241	1	85	1	173	1	190	1	274	0	316	1	271	1
245	1	101	1	175	1	196	1	270	0	308	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	0	270	1	316	1	267	1
243	1	85	1	173	1	192	0	274	1	308	1	267	1
241	0	99	0	181	0	196	0	274	1	312	1	271	0
235	0	85	0	173	0	192	0	274	1	312	1	267	0
241	1	101	0	173	1	196	1	270	1	304	1	267	1
241	1	85	0	173	1	194	1	270	1	312	1	267	1
241	1	99	1	173	1	192	1	274	1	312	1	271	1
225	1	83	1	173	1	192	1	270	1	308	1	269	1
241	1	85	1	173	1	182	1	274	0	312	0	271	1
241	1	85	1	181	1	182	1	270	0	308	0	269	1
245	1	103	1	177	1	196	0	270	1	304	1	267	1
241	1	105	1	173	1	192	0	274	1	316	1	271	1

Affected haplotypes

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
	0	85	1	173	1	190	1	274	1	312	1	271	1
	0	101	1	181	1	198	1	272	1	312	1	263	1
241	1	99	1	177	0	198	1	274	1	312	1	271	1
241	1	101	1	173	0	196	1	276	1	304	1	265	1
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	304	1	271	1
241	1	85	1	173	1	190	1	270	1	312	1	271	1
241	1	85	0	173	1	200	0	270	1	312	0	271	1
241	1	101	0	173	1	186	0	270	1	304	0	271	1
243	1	85	1	173	1	200	1	274	1	312	1	271	1
235	1	95	1	181	1	196	1	274	1	312	1	271	1
241	0	85	1	173	1	200	1	274	1	312	0	271	1
243	0	85	1	173	1	200	1	274	1	308	0	271	1
241	1	85	1	173	1	194	1	274	1	300	1	275	1
241	1	85	1	181	1	196	1	274	1	300	1	271	1
243	1	103	1	175	1	198	1	274	1	300	1	271	1
243	1	103	1	175	1	196	1	274	1	308	1	271	1
235	1	97	1	181	1	196	1	274	1	300	1	271	1
235	1	99	1	181	1	192	1	270	1	312	1	267	1
241	0	101	0	181	0	194	0	274	0	308	0	271	0
235	0	85	0	173	0	182	0	272	0	300	0	267	0
243	0	103	0	173	1	196	1	274	1	308	0	269	0
241	0	85	0	173	1	196	1	274	1	304	0	267	0
241	1	87	1	177	0	196	1	274	0	312	1	271	1
241	1	85	1	173	0	194	1	270	0	300	1	275	1
241	1	105	1	173	1	196	1	274	0	312	1	271	0
241	1	85	1	173	1	192	1	270	0	312	1	267	0
243	0	85	1	173	1	198	1	270	1	304	1	271	1
241	0	85	1	173	1	196	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	1	274	1	308	1	271	0
241	1	85	1	173	1	182	1	274	1	320	1	265	0
245	0	85	1	177	0	198	1	274	1	304	1	271	0
241	0	85	1	173	0	194	1	274	1	312	1	267	0
241	1	103	1	177	1	196	1	270	1	316	1	267	1
235	1	99	1	181	1	192	1	270	1	312	1	271	1

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
245	1	105	0	177	1	196	1	274	1	300	1	267	1
245	1	85	0	177	1	198	1	274	1	320	1	271	1
241	1	97	0	177	0	196	1	274	0	304	0	271	1
241	1	85	0	173	0	196	1	272	0	300	0	271	1
241	1	99	0	177	0	196	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	0	173	0	182	1	274	1	312	1	271	1
243	0	85	1	173	1	200	0	274	1	308	1	271	1
235	0	85	1	173	1	194	0	274	1	308	1	271	1
241	1	85	1	173	1	190	1	274	0	312	1	267	1
235	1	85	1	173	1	196	1	272	0	316	1	267	1
241	0	85	1	181	0	196	1	274	0	312	1	269	1
235	0	101	1	173	0	196	1	272	0	300	1	271	1
245	0	101	0	173	0	182	0	274	1	312	1	273	0
241	0	85	0	177	0	190	0	274	1	312	1	267	0
239	1	85	1	173	1	190	1	270	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	198	1	274	1	304	1	271	1
241	0	85	1	173	1	198	1	270	1	304	1	271	1
243	0	85	1	173	1	182	1	274	1	312	1	269	1
245	1	85	1	179	1	196	1	270	1	308	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	304	1	265	1
241	0	103	0	173	1	198	0	274	1	308	1	269	0
235	0	81	0	173	1	196	0	274	1	308	1	265	0
241	1	103	0	177	0	196	0	270	1	308	0	271	0
241	1	85	0	173	0	190	0	270	1	300	0	269	0
245	0		0		0		0		0		0		0
241	0		0		0		0		0		0		0
235	1	81	1	173	1	196	1	276	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	1	196	1	274	1	308	1	265	1
245	1	103	1	177	1	196	1	270	1	308	1	271	1
235	1	97	1	181	1	192	1	274	1	312	1	271	1
241	1	101	0	173	1	192	1	274	1	316	1	271	1
235	1	85	0	181	1	190	1	270	1	312	1	271	1
235	1	97	1	181	1	198	1	274	1	312	0	271	1
243	1	103	1	173	1	182	1	274	1	308	0	273	1

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	1	103	0	177	0	190	0	270	0	304	0	271	1
241	1	85	0	173	0	196	0	274	0	312	0	271	1
241	1	101	1	173	1	192	1	274	1	312	1	271	0
245	1	105	1	177	1	194	1	274	1	320	1	267	0
241	1	103	0	177	0	196	1	274	0	316	0	267	1
241	1	85	0	173	0	196	1	270	0	304	0	267	1

Figure 9

nontransmitted chromosomes

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
279	200	235	1 193	1 216	1 268	1 148	1 186	1 246	1 194	1 172	1 16	1 124	1 150	1 188 1
280	200	233	1 205	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 192 1
349	204	235	1 197	1 202	1 268	1 156	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216 1
309	204	235	1 195	1 202	1 268	1 148	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 124	1 142	1 192 1
277	207	227	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 252	1 186	1 174	1 18	1 124	1 146	1 212 1
278	207	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 20	1 124	1 150	1 200 1
459	214	233	1 197	1 200	1 268	1 152	1 184	1 248	1 186	1 174	1 10	1 124	1 142	1 208 1
460	214	233	1 203	1 216	1 280	1 158	1 184	1 248	1 170	1 184	1 16	1 124	1 146	1 216 1
270	215	235	1 193	1 200	1 268	1 154	0 188	1 246	1 170	1 160	1 24	1 124	1 150	0 188 1
259	216	231	1 193	1 200	1 268	0 150	1 184	0 254	1 186	1 172	1 10	1 124	1 150	0 188 1
272	218	233	1 195	1 204	1 268	1 150	1 186	1 248	1 178	1 172	0 22	1 126	1 146	1 188 1
273	218	235	1 193	1 200	1 256	**1 154**	**1 186**	**1 230**	**1 178**	**1 172**	**0 10**	**1 124**	1 142	1 188 1
267	220	233	1 205	1 200	0 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 124	1 158	1 188 1
264	225	227	1 201	1 200	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 168	0 10	0 126	1 150	1 192 1
260	228	229	1 197	1 200	1 268	1 164	1 186	1 250	1 178	1 172	0 14	1 112	1 154	1 188 1
257	229	227	1 207	1 200	1 256	0 160	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 122	1 150	1 208 1
298	231	233	1 193	1 200	1 280	1 158	1 186	1 232	1 178	1 172	1 12	1 112	1 154	1 188 1
299	231	229	1 207	1 200	1 268	1 148	1 202	1 220	1 170	1 160	1 14	1 112	1 158	1 208 1
310	232	233	1 205	1 202	1 268	1 148	1 204	1 220	1 170	1 160	1 24	1 112	1 150	0 188 1
261	234	233	1 189	1 206	1 272	1 154	1 186	1 250	1 178	1 174	1 18	1 126	1 158	1 188 1
697	236	235	1 197	1 200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 186	1 174	1 10	1 112	1 150	1 208 1
698	236	233	1 195	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216 1
456	238	235	1 199	1 216	1 268	1 160	1 184	1 248	1 170	1 172	1 16	1 124	1 150	1 208 1
457	238	233	1 197	1 200	1 268	1 160	1 186	1 230	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208 1
312	239	227	1 197	1 202	1 268	1 148	1 184	0 246	1 170	1 178	1 24	1 112	1 150	0 208 1
342	241	227	1 193	1 202	1 256	1 158	1 184	0 250	1 170	1 174	1 10	1 124	0 146	1 188 1
347	243	229	1	0 216	1 278	1 150	1 186	1 244	1 170	0 160	0 10	1 112	1 150	1 188 0
274	243	233	1 193	1 204	1 268	1 160	1 186	1 244	1 170	0 160	0 14	1 124	1 162	1 188 0
262	246	231	1 193	0 202	0 268	1 148	1 202	1 230	1 170	0 172	1 22	1 124	1 150	1 208 1
302	247	235	1 195	1 200	1 256	1 150	1 186	1 242	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 192 1
303	247	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 14	1 128	1 150	1 188 1
334	248	225	1 183	1 216	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188 0
333	248	233	1 205	1 200	1 268	1 152	**1 186**	**1 230**	**1 178**	**1 172**	**1 10**	**1 124**	1 142	1 188 0
300	251	227	0 193	1 200	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 18	1 120	1 150	1 216 1

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
301	251	227	0 205	1 200	1 276	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 24	1 124	1 150	1 188 1
285	252	231	1 193	1 200	0 268	1 148	1 184	1 252	1 170	1 174	1 16	1 124	0 150	1 192 1
258	253	229	1 193	1 200	0 268	1 148	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 208 1
467	254	229	1 197	1 216	1 280	1 160	1 184	1 250	1 170	0 172	1 22	1 126	1 154	1 188 0
266	265	227	0 195	1 202	1 268	1 160	1 186	1 260	1 178	1 174	1 16	1 124	0 158	1 208 1
485	311	227	1 205	1 200	1 268	1 158	1 184	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1 212 1
313	314	227	1 195	1 202	1 268	1 162	1 186	1	0 170	1 172	1 10	0 124	1 150	1 212 1
348	314	227	1 195	1 200	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 172	1 10	0 128	1 150	1 208 1
317	316	227	1 201	1 202	1 268	1 152	1 186	1 244	1 170	1 174	1 14	1 112	1 154	1 188 0
318	319	227	0	0	0 256	0 154	0	0	0	0	0 16	1	0	0 0
320	321	237	1 201	0 200	0 268	1 154	0 186	0 220	1 170	1 172	0 20	1 124	0 146	0 192 0
336	326	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208 1
325	326	227	1 201	1 202	1 276	1 148	1 186	1 244	1 170	1 176	1 20	1 126	1 150	1 192 1
330	329	233	1 197	1 202	1 268	1 148	0 184	1 256	1 178	1 172	1 16	1 124	1 162	1 208 1
476	331	229	0 199	1 200	0 276	1 154	1	0 244	1 170	0 160	1 10	1 112	0 150	0 188 0
354	351	233	1 201	0 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188 1
352	353	225	0 207	1 200	1 268	0 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 146	1 192 1
362	356	231	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	0 230	1 170	0 172	1 10	0 128	1 150	1 208 1
358	357	235	1 205	1 202	0 256	1 **154**	**0 186**	**1 230**	**1 178**	**1 172**	**1 10**	**1 124**	**0** 154	1 216 1
365	359	233	1 205	1 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188 1
378	359	231	1 201	1 202	1 268	1 162	1 186	1 230	1 186	1 174	1 18	1 126	1 150	1 188 1
360	361	227	0 195	1 202	0 268	1 162	1 186	1 250	1 170	1 172	1 18	1 124	1 150	1 212 1
366	367	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 10	1 124	1 142	0 188 1
370	372	227	0 201	1 202	1 268	1 150	1 184	0 244	0 170	1 174	1 14	1 124	0 150	1 188 1
389	384	231	1 203	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 200 1
408	409	229	1 205	1 216	1 276	1 154	1 186	1 244	1 178	1 184	1 28	1 112	1 154	1 196 1
410	409	229	1 197	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 188 1
414	413	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	0 174	1 18	1 120	1 150	1 188 1
412	413	235	1 193	1 200	1 256	1 156	1 186	1 246	1 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 212 1
433	435	227	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 172	0 16	1 112	1 150	1 204 1
444	443	235	1 205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 232	1 178	1	0 24	1 112	1 150	0 188 1
551	458	235	1 201	1 206	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 174	1 14	1 124	1 158	1 188 0
472	473	233	1 193	1 200	1 268	1 156	1 186	1 248	1 178	1 184	1 10	0 112	1 146	1 188 1
482	484	233	0 197	1 200	1 268	1 158	1 182	0 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 188 1

ERSN	KID	sava5		ca211		ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
486	487	227	1	201	1	202	1	256	1	154	1	186	0	230	1	178	1	172	1	10	0	124	1	150	1	188	1
508	488	233	1	205	1	202	1	268	1	148	1	184	1	220	1	170	1	160	1	24	1	112	1	150	1	188	1
635	498	227	1	193	1	202	1	268	1	148	1	184	1	254	1	170	1	174	1	16	1	124	1	142	1	188	1
527	501	229	1	183	1	216	1	280	1	158	1	186	1	230	1	170	1	172	1	22	1	126	1	146	1	212	1
528	501	225	1	183	1	216	1	268	1	152	1	186	1	242	1	170	1	176	1	10	1	126	1	154	1	208	1
502	505	235	1	205	1	200	1	268	1	148	1	184	1		0	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	188	1
517	516		0		0		0		0		0		0		0		0		0		0		0		0		0
529	531	233	1	205	1	200	0	268	1	158	1	186	1	242	1	170	1	180	1	10	0	128	1	150	1	204	1
633	536	229	0	201	1	200	1	268	0	154	1	186	1	230	1	178	1	168	0	10	1	124	0	150	1		0
532	537	227	1	201	1	200	1	268	1	150	1	186	1	242	1	170	0	172	1	10	1	126	1	150	1	192	1
534	537	235	1	205	1	200	1	268	1	158	1	186	1	232	1	170	0	160	1	24	1	112	1	150	1	208	1
562	540	229	1	195	1	202	1	268	1	160	1	184	1	250	1	170	1	160	1	18	1	124	1	150	1	212	1
539	540	229	1	207	1	200	1	268	1	154	1	194	1	220	1	170	1	178	1	18	1	128	1	150	1	192	1
576	578	235	1	199	1	200	1	256	1	158	1	186	1	246	1	170	1	174	1	10	1	124	1	158	1	188	1
579	578	233	1	199	1	200	1	278	1	148	1	186	1	246	1	170	1	184	1	16	1	124	1	150	1	208	1
582	587	227	1	201	1	202	1	268	1	148	1	202	1	220	1	178	1	184	1	10	1	128	1	150	1	212	1
580	587	229	1		0	200	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	160	1	10	1	126	1	150	1	200	1
638	637	237	1	203	1	206	1	268	1	154	0	186	1	228	1	170	1	160	1	22	1	126	1	142	0	212	1
647	649	229	1	195	1	202	1	268	1	154	1	186	1	232	1	178	1	160	1	10	1	124	1	150	1	216	1
646	649	231	1	201	1	206	1	268	1	154	1	186	1	230	1	178	1	160	1	10	1	124	1	154	1	188	1
652	653	235	1	201	1	206	1	268	0	154	0	186	1	230	1	178	1	172	1	16	1	126	1	150	1	188	0
662	661	235	1	209	1	202	1	280	1	154	1	186	1	242	1	178	1	172	1	22	1	126	1	150	1	188	1
660	661	233	1	183	1	216	1	268	1	158	1	186	1		0	170	1	160	1	14	1	122	1	150	1	192	1
666	667	235	1	203	1	202	1	268	1	158	1	186	1	246	1	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	192	1
668	667	237	1	209	1	202	1	268	1	150	1	186	1	252	1	178	1	172	1	16	1	128	1	150	1	196	1
670	669	235	1	205	1	200	1	268	1	148	1	184	1	254	1	170	1	174	1	10	1	126	1	154	1	192	1
671	669	227	1	195	1	200	1	268	1	158	1	186	1	230	1	178	1	168	1	16	1	128	1	154	1	188	1
678	676	223	1	201	1	200	0	278	1	156	1	200	1	252	1	174	1	174	1	10	1	124	1	150	1	208	1
730	684	229	1	195	1	200	0	268	1	148	1	198	1	220	1	170	1	174	1	20	1	126	1	150	1	196	1

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	1	103	1	173	1	186	1	274	1	316	1	269	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	316	1	263	1
243	1	85	1	177	1	192	1	270	0	312	1	265	1
241	1	85	1	173	1	192	1	270	0	312	1	267	1
241	1	85	1	173	1	198	1	274	1	308	1	271	1
245	1	101	1	175	1	196	1	274	1	316	1	267	1
245	1	101	1	177	1	190	1	274	1	312	1	267	1
241	1	85	1	173	1	202	1	270	1	312	1	269	1
235	1	95	1	181	1	190	0	274	1	308	1	267	0
241	1	85	1	173	1	196	1	274	1	304	1	267	0
235	1	103	1	181	1	196	1	274	1	312	1	265	1
235	1	99	1	181	1	196	1	274	1	304	1	271	1
241	1	85	0	173	1	192	1	270	1	312	1	271	1
241	1	85	0	173	0	196	1	270	1	304	1	271	1
235	1	93	1	181	1	196	1	274	1	308	1	269	0
241	1	103	1	177	1	196	1	270	1	316	1	267	1
235	1	97	1	181	1	198	1	274	1	300	1	271	1
245	1	85	1	177	1	192	1	270	1	300	1	271	1
241	1	85	0	173	0	196	1	274	1	308	1	271	1
235	1	95	1	181	1	198	0	274	1	300	1	267	1
241	1	85	1	173	1	196	1	274	1	300	1	267	1
243	1	85	1	177	1	192	1	270	1	312	1	265	1
241	0	99	1	177	1	198	1	270	1	312	1	263	1
241	0	97	1	177	1	196	1	274	1	304	1	275	1
245	1	85	0	177	1	196	1	272	1	308	1	263	0
235	0	99	1	173	0	196	1		0	304	0		0
235	1	101	1	181	1	194	1	274	1	308	1	267	1
241	1	85	1	177	1	196	1	274	1	304	1	271	1
245	1	85	1	177	1	198	1	270	1	300	0	267	0
241	1	85	1	173	1	196	1	270	1	304	1	271	1
239	1	85	1	181	1	196	1	276	1	300	1	267	1
241	1	85	1	181	1	194	1	274	1	324	1	267	0
241	1	99	1	181	1	196	1	274	1	304	1	267	0
243	1	85	1	177	0	192	1	270	1	312	1	265	1

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
235	1	101	1	177	0	200	1	272	1	316	1	267	1
235	0	85	1	173	0	192	1	274	0	308	1	267	1
235	1	101	1	181	1	196	1	274	1	308	1	265	1
245	1	103	1	175	1	198	1	274	1	300	1	271	0
235	1	101	1	181	1	202	1	274	1	316	1	265	1
245	1	85	1	179	1	184	0	270	1	308	1	269	0
241	1	85	1	173	1	192	1	270	1	312	1	269	1
241	1	85	1	173	1	198	1	270	1	308	1	271	1
235	0	101	0	173	0	190	1	274	1	304	0	267	0
245	1	85	1		0		0	274	1	320	1	269	1
	0	103	1	173	1	182	1	274	1	312	1	271	0
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	312	1	273	1
241	1	85	1	177	1	200	1	274	1	308	1	263	1
235	1	85	1	173	1	196	1	270	0	316	1	265	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	300	1	265	0
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	308	1	267	0
241	1	87	1	173	1	182	0	272	1	300	1	271	1
245	1	85	0	177	1	198	1	274	1	300	1	271	0
241	0	85	0	173	0	190	0	270	0	312	1	273	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	1	312	1	267	0
241	1	85	1	177	1	192	1	270	1	312	1	267	0
241	1	85	1	173	0	192	1	270	1	308	1	269	1
243	1	85	1	173	0	200	1	274	1	308	0	265	0
243	1	85	1	173	1	190	0	270	0	316	1	273	1
235	0	95	1	173	0	196	1	274	1	312	1	271	1
243	1	85	1	173	0	198	1	270	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	0	196	1	274	1	316	1	267	1
241	1	85	1	173	1	194	1	270	1	316	1	265	1
241	1	85	1	173	1	200	1	274	1	316	1	271	1
241	1	85	1	173	1	194	1	270	1	300	1	271	1
235	1	105	1	181	1	200	1	272	1	316	1	267	1
239	0	101	1	173	1	196	1	274	1	300	1	271	1
241	1	85	1	173	0	192	1	270	0	316	1	265	1
241	1	83	1	173	1	196	1	270	0	304	1	267	0

ca219		1105		ca209		ca202		1146		166d05		476	
241	**0**	**103**	**1**	**173**	**1**	192	1	274	1	312	1	267	1
243	1	85	1	173	1	196	1	274	1	308	1	273	1
243	1	85	1	173	1	200	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	270	0	320	1	267	1
241	1	87	1	173	1	198	1	270	0	312	1	267	1
235	1	97	1	181	1	192	0	274	1	300	1	271	1
	0		0		0		0	272	1		0		0
235	1	81	1	173	1	182	1	278	1	320	1	261	1
241	1	85	0	173	0	200	1	270	1	304	1	271	1
241	1	85	0	173	1	196	1	270	1	304	1	271	1
235	1	85	0	181	1	194	1	274	1	308	1	267	1
239	1	85	1	173	1	194	1	272	0	316	1	271	1
241	1	85	1	173	1	182	1	272	0	300	1	271	1
241	1	105	1	173	1	192	0	274	1	312	1	267	1
241	1	87	1	173	1	192	0	272	1	304	1	275	1
	0	103	1	173	1	194	1	270	1	316	1	271	1
	0	101	1	173	1	196	1	272	1	308	1	271	1
241	1	87	1	173	1	182	1	274	1	320	1	269	1
241	0	85	1	173	1	194	1	270	1	312	1	267	1
241	0	85	1	173	1	196	1	274	1	300	1	271	1
235	1	99	1	181	1	192	1	274	1	312	1	267	1
235	1	101	1	181	1	196	1	272	1	300	1	271	1
235	1	85	1	179	1	196	1	274	1	312	1	271	1
241	1	85	1	173	1	192	1	270	1	312	1	271	1
241	1	87	1	173	1	182	1	270	1	316	1	273	1
235	1		0	181	1	196	1	274	1	300	1	271	1
239	1	85	0	181	1	196	1	276	1	300	1	267	1
241	1	83	1	177	1	182	1	276	1	308	0	269	1
235	0	93	1	173	0	202	1	272	0	300	1	273	1
					79								

Figure 10

controls

cont	sava5	ca211		ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
98	miss	193	1	200	1		0	156	1	186	1	230	1	178	1	176	1	10	1	126	1	150	1	208	1
98	17	193	1	216	1		0	148	1	186	1	244	1	178	1	172	1	18	1	124	1	150	1	208	1
99		193	1	206	1	268	1	150	1	184	1	252	1	178	1	172	1	20	1	124	1	142	1	204	1
99		195	1	200	1	268	1	154	1	184	1	220	1	170	1	170	1	10	1	128	1	150	1	188	1
101		189	1	206	1	272	1	154	1	186	1	260	1	178	1	174	1	20	1	126	1	158	1	216	1
101		203	1	200	1	268	1	150	1	186	1	244	1	170	1	160	1	14	1	122	1	150	1	188	1
102		195	1	202	1	268	1	150	1	202	1	220	1	178	1	172	1	24	1	124	1	150	1	212	1
102		205	1	200	1	268	1	162	1	186	1	248	1	178	1	160	1	22	1	132	1	150	1	188	1
104		195	1	200	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	160	1	10	1	126	1	150	1	188	1
104		203	1	216	1	268	1	156	1	186	1	244	1	186	1	174	1	14	1	126	1	150	1	192	1
105		193	1	202	1	268	1	156	1	186	1	244	1	170	1	172	1	10	1	126	1	150	1	188	1
105		201	1	216	1	268	1	148	1	186	1	246	1	194	1	172	1	16	1	124	1	150	1	188	1
107			0	206	1	268	1	154	1	186	1	246	1	170	1	176	1	22	0		0	154	1	188	1
107			0	202	1	274	1	150	1	184	1	246	1	170	1	174	1	16	0		0	150	1	216	1
108		201	0	200	1	268	1	162	1	186	1	230	1	178	1	172	1	22	1	126	1	150	1	188	1
108		195	0	202	1	280	1	154	1	186	1	242	1	178	1	172	1	22	1	126	1	150	1	192	1
110		199	1	218	1	268	1	160	1	184	1	248	1	170	1	172	1	16	0	124	1	150	1	208	1
110		205	1	200	1	268	1	148	1	184	1	254	1	170	1	174	1	10	0	126	1	150	1	188	1
111		193	1	202	1	268	1	154	1	186	1	232	1	178	1	160	1		0	124	1	150	1	188	1
111		191	1	202	1	268	1	150	1	184	1	252	1	170	1	160	1		0	128	1	150	1	188	1
114		207	1	202	1	268	1	150	1	200	1	220	1	170	1	174	0	24	1	126	1	150	1	212	1
114		195	1	200	1	278	1	154	1	186	1	252	1	178	1	172	0	18	1	124	1	150	1	192	1
113		191	1	202	1	276	1	150	1	184	1	250	1	170	1	174	0	22	1	124	1	146	1	216	1
113		207	1	216	1	268	1	150	1	186	1	244	1	170	1	172	0	16	1	124	1	150	1	192	1
116		193	1	202	**1**	**268**	**1**	**154**	**1**	**186**	**1**	**230**	**1**	**178**	**1**	**172**	**1**	**10**	**1**	**124**	**0**	**150**	**1**	**188**	**1**
116		195	1	202	1	268	1	154	1	186	1	248	1	170	1	172	1	10	1	126	0	150	1	212	1
117		201	1	200	**1**	**268**	**1**	**154**	**1**	**186**	**1**	**232**	**1**	**178**	**1**	**172**	**1**	**10**	**1**	**124**	**0**	142	1	212	1
117		195	1	202	1	268	1	160	1	186	1	256	1	178	1	174	1	16	1	126	0	158	1	212	1
119		193	1	200	1	270	1	162	1	186	1	244	1	170	1	172	1	18	0	124	1	150	1	216	1
119		193	1	206	**1**	**268**	**1**	**154**	**1**	**186**	**1**	**230**	**1**	**178**	**1**	**172**	**1**	**10**	**0**	126	1	150	1	188	1
120		193	1	216	1	276	1	158	1	186	1	242	1	178	1	174	1	18	0	112	1	154	1	192	1
120		203	1	204	1	272	1	158	1	**186**	**1**	244	1	**178**	**1**	**172**	**1**	**10**	**0**	126	1	150	1	200	1
122		183	1	200	1	268	1	154	1	186	1	242	1	178	1	160	1	16	1	124	1	150	1	204	1
122		195	1	218	1	268	1	156	1	186	1	232	1	178	1	160	1	26	1	124	1	150	1	188	1

cont	sava5	ca211		ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
123		193	1	200	1	268	1	150	1	184	1	252	1	170	1	160	1	10	1	126	1	154	0	188	1
123		195	1	216	1	268	1	154	1	184	1	232	1	170	1	160	1	20	1	112	1	150	0	192	1
125		203	1	200	1	268	1	148	1	184	1	252	1		0	174	1	18	1	124	1		0	212	1
125		205	1	202	1	268	1	148	1	188	1	250	1		0	172	1	16	1	124	1		0	192	1
126		205	1	200	1	268	1	148	1	186	1	248	1	170	1	160	1	14	1	128	0	150	1	188	1
126		195	1	204	1	268	1	150	1	186	1	246	1	178	1	172	1	22	1	126	0	150	1	208	1
128		193	1	200	1	256	1	158	1	186	1		0	170	1	174	1	14	1	112	1	158	1	188	1
128		191	1	200	1	268	1	160	1	184	1		0	170	1	172	1	18	1	122	1	150	1	208	1
129		193	1	206	1	256	1	154	1	186	1	244	1	170	1	174	1	10	1	112	1	158	1	188	1
129		195	1	216	1	268	1	150	1	184	1	250	1	170	1	172	1	14	1	126	1	150	1	192	1
131		201	0	200	1	268	1	154	1	186	0	252	0	186	0	176	0	18	1	126	1	150	1	188	1
131		197	0	200	1	268	1	150	1	184	0	244	0	170	0	172	0	10	1	126	1	150	1	188	1
132		205	0	200	1	268	1	148	1	186	0	252	0	186	0	174	0	18	1	124	1	150	1	212	1
132		203	0	200	1	268	1	158	1	184	0	248	0	170	0	172	0	18	1	124	1	158	1	208	1
134		193	1	216	1	268	1	148	1	186	1	220	1	170	1	174	1	14	1	124	1	150	1	208	1
134		205	1	202	1	266	1	160	1	186	1	230	1	194	1	172	1	22	1	112	1	154	1	208	1
135		193	1	202	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	160	1	18	1	124	1	154	1	208	1
135		205	1	202	1	268	1	154	1	184	1	230	1	178	1	184	1	20	1	128	1	154	1	208	1
138		193	1	202	1	**268**	1	**154**	1	**186**	1	**230**	1	**178**	1	**172**	**0**	**10**	1	**124**	**1**		0	216	1
138		207	1	200	1	280	1	148	1	184	1	252	1	178	1	174	0	20	1	126	1		0	216	1
137		193	1	206	1	**268**	1	**154**	1	**186**	1	**230**	1	**178**	1	**172**	**0**	**10**	1	126	1	150	1	192	1
137		201	1	216	1	270	1	148	1	184	1	256	1	186	1	174	0	10	1	126	1	150	1	212	1
144			0	200	1	256	1	154	1	186	1		0		0	174	1	10	1	126	1	150	1	208	1
144			0	206	1	268	1	154	1	186	1		0		0	176	1	22	1	124	1	150	1	188	1
68		195	1	202	1	268	1	164	1	186	1		0		0	172	1	22	1	126	1	150	1	208	1
68		193	1	202	1	268	1	160	1	186	1		0		0	172	1	18	1	122	1	150	1	208	1
69		195	1	218	1	268	1	148	1	186	1	246	1		0	160	1	10	1	124	1	146	1	208	1
69		201	1	216	1	268	1	158	1	186	1	230	1		0	172	1	20	1	124	1	150	1	204	1
72		193	1	200	1	268	1	148	1	184	1		0	170	1	174	1	16	1	124	1	150	1	188	1
72		193	1	206	1	256	1	156	1	186	1		0	170	1	172	1	10	1	124	1	150	1	192	1
71		193	1	216	1	268	1	146	1	192	1	248	1	170	1	174	1	16	1	124	1	154	1	196	1
71		193	1	206	1	256	1	156	1	186	1	232	1	170	1	174	1	10	1	126	1	150	1	212	1
74		195	1	218	1	268	1	148	1	186	1	246	1	170	1	160	1	10	1	124	1	154	1	216	1
74		205	1	200	1	268	1	158	1	186	1	222	1	170	1	160	1	24	1	112	1	154	1	188	1

cont	sava5	ca211		ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
75		217	1	216	1	264	1	150	1	186	1	250	1	170	1	180	1	12	1	124	1	150	1	192	1
75		205	1	204	1	268	1	154	1	186	1	244	1	170	1	172	1	16	1	124	1	146	1	192	1
78		201	1	216	1	268	1	148	1	186	1		0	174	1	172	1		0	124	1	150	1	192	0
78		201	1	202	1	268	1	162	1	186	1		0	170	1	174	1		0	126	1	150	1	188	0
77		201	1	206	1	268	1	158	1	184	1	246	1	170	1	160	1	22	1	124	1	150	1	192	0
77		195	1	202	1	268	1	152	1	186	1	232	1	178	1	174	1	20	1	122	1	146	1	188	0
80		193	1	202	0	268	1		0	186	1	250	1	178	1	160	1	10	1	124	1	150	1	208	1
80		195	1	200	0	268	1		0	186	1	244	1	178	1	172	1	28	1	124	1	150	1	208	1
81		193	1	202	0	268	1	156	1	186	1	246	1	194	1	172	1	10	1	126	1	150	1	188	1
81		193	1	200	0	268	1	148	1	184	1	258	1	186	1	174	1	10	1	124	1	150	1	208	1
84		193	1	202	1	268	1	154	1	186	1	246	1	170	1	172	1	14	1	126	1	158	1	188	1
84		207	1	202	1	268	1	164	1	186	1	244	1	170	1	178	1	10	1	124	1	150	1	188	1
83		209	1	200	1	270	1	148	1	184	1	230	1	178	1	172	1	26	1	124	1	150	1	208	1
83		207	1	200	1	268	1	158	1	186	1	248	1	170	1	174	1	10	1	112	1	146	1	192	1
86		195	1	202	1	268	1	158	1	186	1	244	1	170	1	160	1	14	1	124	1	158	1	208	1
86		205	1	202	1	278	1	148	1	184	1	260	1	170	1	172	1	20	1	120	1	150	1	188	1
87		197	1	200	1	268	1	158	1	**186**	**1**	**230**	**1**	**178**	**1**	**172**	**1**	**10**	**1**	**124**	**1**	158	1	188	1
87		193	1	200	1	268	1	154	1	190	1	242	1	170	1	172	1	16	1	126	1	154	1	188	1
90		205	1	200	1	268	1	158	1	186	1	250	1	170	1	172	1	18	1	124	1	158	1	208	1
90		193	1	200	1	268	1	154	1	186	1	246	1	186	1	172	1	10	1	124	1	150	1	188	1
89		207	1	202	1	270	1	168	1	186	1	232	1	178	0	176	1	22	1	126	1	154	1	212	1
89		193	1	202	1	268	1	154	1	190	1	252	1	170	0	172	1	16	1	126	1	150	1	188	1
92		193	1	200	1	268	1	148	1	184	0	244	1	170	0	174	1	10	1	124	1	150	1	208	1
92		193	1	202	1	256	1	**154**	**1**	**186**	**0**	**230**	**1**	**178**	**0**	**172**	**1**	**10**	**1**	**124**	**1**	154	1	188	1
93		203	1	216	1	268	1	156	1	186	0	248	1	170	1	174	1	14	1	126	1	150	1	204	1
93		205	1	200	1	268	1	148	1	184	0	230	1	178	1	174	1	10	1	126	1	150	1	188	1
95		197	1	216	1	268	1	158	1	186	1	252	1	178	1	174	1	20	1	126	1	150	1	192	0
95		205	1	202	1	268	1	150	1	184	1	230	1	178	1	160	1	10	1	126	1	150	1	188	0
96		209	1	200	1	278	1	162	1	186	1	256	1	170	1	160	1	14	1	128	1	150	1	192	0
96		205	1	200	1	268	1	148	1	186	1	230	1	178	1	160	1	14	1	128	1	150	1	188	0
140			0		0	270	1		0		0	244	1		0		0	10	1		0	150	1	188	1
140			0		0	278	1		0		0	254	1	186	1		0	10	1		0	158	1	188	1
141		201	0	200	1	272	1		0		0	244	1	170	1	172	1	10	1		0		0	216	1
141		193	0	200	1	270	1		0		0	254	1	170	1	160	1	10	1		0		0	212	1

cont	sava5	ca211		ca212		1140		59		ca231		ta201		at201		ca225		w3442		ca213		ga201		ga203	
143		193	1	200	1	278	1	148	1	184	1	252	1	170	1	184	1	18	1	124	1	150	0	192	1
143		195	1	200	1	268	1	158	1	186	1	248	1			178	1	18	1	124	1	146	0	188	1

ca219		1105	18SCA20	SC	KID
241	1	missing	173	1	100
241	1		177	1	100
235	1		173	1	100
245	1		175	1	100
235	1		173	1	103
235	1		181	1	103
241	1		173	1	103
241	1		173	1	103
235	1		181	1	106
241	1		173	1	106
241	1		173	1	106
241	1		173	1	106
241	1		173	1	109
241	1		173	1	109
241	1		173	1	109
245	1		175	1	109
235	1			0	112
235	1			0	112
243	1		181	0	112
235	1		173	0	112
241	1		173	1	115
241	1		173	1	115
241	1		173	1	115
241	1		173	1	115
241	1		173	1	118
241	1		173	1	118
241	1		173	1	118
241	1		177	1	118
241	1		173	1	121
241	1		173	1	121
241	1		173	1	121
235	1		181	1	121
	0		173	1	124
	0		173	1	124

ca219		1105	18SCA20	SC	KID
241	1		173	1	124
241	1		177	1	124
241	1		173	1	127
241	1		173	1	127
243	1		173	1	127
239	1		173	1	127
235	1		181	1	130
235	1		181	1	130
241	1		173	1	130
241	1		173	1	130
243	0		181	0	133
235	0		173	0	133
245	0		181	0	133
235	0		173	0	133
243	1		173	1	136
235	1		181	1	136
241	1		173	1	136
241	1		173	1	136
241	1			0	139
243	1			0	139
235	1		181	0	139
241	1		177	0	139
241	1		173	1	145
241	1		173	1	145
241	1		173	1	70
245	1		177	1	70
241	1		173	1	70
243	1		175	1	70
243	1		173	1	73
241	1		173	1	73
235	1		181	1	73
241	1		173	1	73
241	1		173	1	76
235	1		181	1	76

ca219		1105	18SCA20	SC	KID
241	1		175	1	76
235	1		177	1	76
241	1		173	1	79
241	1		177	1	79
241	1		173	1	79
241	1		181	1	79
241	1			0	82
241	1			0	82
241	1		173	1	82
241	1		173	1	82
241	1		173	1	85
241	1		173	1	85
241	1		173	1	85
241	1		173	1	85
	0		173	1	88
	0		173	1	88
235	1		173	1	88
235	1		181	1	88
245	1		173	1	91
241	1		173	1	91
241	1		181	1	91
241	1		173	1	91
241	1		173	1	94
241	1		173	1	94
241	1		177	1	94
235	1		181	1	94
241	1		173	1	97
245	1		173	1	97
221	1		173	1	97
241	1		173	1	97
	0			0	142
	0			0	142
241	1		173	1	142
241	1		173	1	142

ca219		1105	18SCA20	SC	KID
241	1		177	1	145
235	1		181	1	145

AHR RESULTS IN DISEASE CHROMOSOMES

	SAVA5	CA211	CA212	18S1140	18S59	TA201	CA231	AT201	CA225	W344
SAVA5		0.04 2%			0.07 4%					
CA211	2-3									
CA212										
18S1140					0.70 12%		1.92 30%		1.28 20%	
18S59	2-6			2-4		2.11 10%	2.45 18%	0.53 10%	1.16 12%	4.18 17%
TA201					4-3		0.68 3%	1.34 10%	0.02 2%	0.68 8%
CA231				2-2	4-2	2-4			0.89 16%	
AT201					4-2	3-2			0.18 4%	0.03 4%
CA225				2-3	4-3	3-3	2-3	1-1		
W3442					4-1	3-1	2-1	2-1		